



UNIVERSIDAD DEL MAR

DIVISIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO

EVALUACIÓN DEL ORIGEN FILOGEOGRÁFICO E INCIDENCIA DE LAS CORRIENTES OCEANOGRÁFICAS Y EL VIENTO EN LOS VARAMIENTOS DE MAMÍFEROS MARINOS DE LA COSTA CENTRAL DE OAXACA Y LA PENÍNSULA DE YUCATÁN

TESIS

QUE COMO PARTE DE LOS REQUISITOS PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRÍA EN CIENCIAS: ECOLOGÍA MARINA

PRESENTA

Biol.Mar. Carlos Javier Tamayo Millán

DIRECTORA

Dra. Valentina Islas Villanueva

CO-DIRECTOR

Dr. Miguel Ángel Ahumada Sempoal

Puerto Ángel, Oaxaca, México
Junio, 2020_

PARA JULIETA

En adelante van estos lugares:...

“Yo siempre estoy esperando a que los muertos se levanten,
que rompan el ataúd y digan alegremente: ¿por qué lloras?”

-Jaime Sabines, “Qué costumbre tan salvaje...”
[fragmento]

El miércoles pasado, 29 de agosto de 1973,
a las 7 de la noche, murió Luz Antillón, que fue mi madre.
Cuando yo estaba en la agencia, escogiendo la caja, oí su
voz que me decía: —¡La más barata, la más barata!

-Jorge Ibarguengoitia, *Instrucciones para vivir en México*

“México, con su nopal y su serpiente; México florido y
espinudo, seco y huracanado, violento de dibujo y de color,
violento de erupción y creación, me cubrió con su sortilegio
y su luz sorpresiva”

-Pablo Neruda, “México florido y espinudo”
[fragmento]

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) y su programa de becas nacionales, por el financiamiento otorgado para realizar los estudios de maestría durante mi estadía en Puerto Ángel, Oaxaca. A la Universidad del Mar (UMAR). A los miembros de mi comité de tesis por sus valiosas aportaciones en esta investigación.

A la Dra. Valentina Islas Villanueva, que en su afán por el conocimiento y conservación de los mamíferos marinos de Oaxaca me brindó la oportunidad de trabajar en un campo de investigación indescriptiblemente apasionante; de igual manera, por abrirme la posibilidad de realizar parte de mi formación profesional en un país dueño de una riqueza cultural inmensa y ser artífice a su vez y en gran medida de lo que significó la consecución de un sueño.

Al Dr. Miguel Ángel Ahumada-Sempoal sus interrogantes fueron aportantes para consolidar el modelo desarrollado en la presente investigación, además de las apasionantes charlas sobre el quehacer profesional. Al doctor Raúl Enrique Díaz Gamboa por su temprano interés en mi trabajo, sus conocimientos, tiempo y motivación fueron esenciales para llevar a cabo esta investigación. A la profesora Samantha Karam y el Dr. Leonardo Álvarez Santamaría por su interés, tiempo y aportes a la investigación desarrollada.

A mis padres, los cuales desde su origen humilde y entrañable, tan recóndito como esa famosa aldea de veinte casas de barro y caña brava, han fraguado con su labor diaria, decidida y perseverante las posibilidades de acceder a un futuro anhelado. Amor y gratitud absoluta hacia ellos, que son mi parte más humana y sensible.

A la red de varamientos del estado de Oaxaca, especialmente a Daniel Arellanes, Adriana Cortes y Francisco Villegas. Al profesor Alberto delgado. Al Programa de Investigación y Conservación de Mamíferos marinos en Yucatán (Picmy). A Liliana Castro (la amiga colombiana que hallé en México), Abraham, Mónica, Aurora y Liliana Gonzales. A los compañeros de laboratorio, especialmente a Edgar Montesinos.

A Itzahí, Karen y Luz María Morales mujeres que encarnan ese Oaxaca rico y profundo que tuve la oportunidad de conocer a través de sus días de muertos, festividades, ruinas, historia y gentes. A ellas que me acogieron, mi admiración y gratitud siempre.

A Pablo Felipe y Germán referentes siempre presentes, de los cuales guardo recuerdos profundos que impregnaron mi infancia y hacen parte de lo que soy. Extraño hoy como ayer los muchos e inolvidables viajes hacia Palermo en ese carro azul, duro y metálico donde las conversaciones me parecían tan apasionantes.

A Patricia Cordero Y Eberardo Moya. Ejemplos de dedicación y vida plena. Fui afortunado de que me compartieran sus historias y me abrieran sus puertas para departir momentos familiares. Con ellos experimenté la dicha de estar en una familia mexicana en que no faltaban moles, asados, tradiciones.

A Dani, mi compañera y amiga. Su amor con tintes que parecen salidos de los libros de Laura Esquivel y su carácter profundamente mexicano se convirtieron en una de mis más gratas y grandes alegrías. Sus pensamientos, sueños e ideales configuran la mujer que admiro, amo y dan contenido a la felicidad. Gracias por tu indispensable apoyo, Dani.

¿Cuándo vas a venir?

Tengo una prisa por jugar a nada,
por decirte: «mi vida» y que los truenos nos humillen
y las naranjas palidezcan en tu mano. Tengo unas ganas
locas de mirarte al fondo y hallar velos y humo,
que, al fin, parece en llama.

-Carilda Oliver, "Discurso de Eva"

[fragmento]

A un gran amigo Pablo Andrés. Igualmente, a Julio y Alejandro por sus valiosas amistades. Al Centro Mexicano de la Tortuga. Al profesor Arturo Romero, Dr. Edgar Tovar Juárez y Yaneth Estrada Santos de la Universidad Autónoma de Chiapas Campus Puerto Madero. De igual manera, a Liliana Serrano, Angélica Sánchez, Abril Martínez.

Finalmente, quiero hacer extensiva mi gratitud a cantidad de personas que con extraordinaria calidez acompañaron mi trasegar en México, de todos ellos guardo con enorme celo memorias, experiencias, historias vividas en este entrañable país. Veo, siento y comprendo ahora como propia esa mirada del México mágico al cual hacia referencia Neruda:

"Y no hay en América, ni tal vez en el planeta, país de mayor profundidad humana que México y su gente. A través de sus aciertos luminosos, como a través de sus gigantescos errores, se ve la misma cadena de grandiosidad generosidad, de vitalidad profunda, de palpitante historia de germinación inagotable".

"México, el último de los países mágicos, mágico de antigüedad y de historia, mágico de cultura y geografía."

-Neruda, "México florido y espinudo"

[fragmento]

RESUMEN

EVALUACIÓN DEL ORIGEN FILOGEOGRÁFICO E INCIDENCIA DE LAS CORRIENTES OCEANOGRÁFICAS Y EL VIENTO EN LOS VARAMIENTOS DE MAMÍFEROS MARINOS DE LA COSTA CENTRAL DE OAXACA Y LA PENÍNSULA DE YUCATÁN.

Los varamientos son una fuente valiosa de información, ya que nos permiten el acceso a organismos que son difíciles de ver en vida libre. Innumerables estudios de patología y genética de poblaciones, entre otros, han surgido a partir de estos fenómenos. Sin embargo, las interpretaciones de las poblaciones basadas en los varamientos carecen de certeza en cuanto al origen de los organismos, puesto que en algunos casos estos han sido arrastrados por el viento y las corrientes marinas, dando información errónea sobre las poblaciones locales. El presente estudio busca contribuir al conocimiento de la riqueza y estructura poblacional de mamíferos marinos en los estados de Campeche, Yucatán y Oaxaca. A fin de brindar respuestas a las interrogantes planteadas se determinó el origen de los varamientos en las localidades mencionadas utilizando marcadores moleculares y modelos numéricos del océano. Se realizó la caracterización genética mitocondrial de las especies registradas. Posteriormente se implementó un análisis fotogramétrico con el fin de establecer características morfométricas de los organismos tales como área superficial y volumen. Por último, se obtuvo el origen espacial de los varamientos haciendo uso de un modelo Lagrangiano (Ichthyop) alimentado con campos de velocidad obtenidos del modelo hidrodinámico HyCOM para las corrientes marinas y RSS para los componentes vectoriales del viento. Este trabajo involucró cinco especies: *Tursiops truncatus*, *Stenella attenuata*, *Pseudorca crassidens*, *Stenella longirostris* y *Arctocephalus galapagoensis*. Las secuencias obtenidas se asociaron con diferentes poblaciones de las especies estudiadas. A partir del probable origen y trayectoria se infirieron regiones recurrentes de donde proceden los varamientos. En algunos casos los eventos pueden estar relacionados con factores antrópicos debido a la cercanía de centros urbanos, mientras que en otros casos procesos climáticos como el fenómeno de El Niño pueden ser responsables de los eventos de varamiento.

Palabras clave: Varamientos; Cetáceos; Genética de poblaciones, Conservación, Simulaciones numéricas.

Tabla de contenido

1	<i>Introducción</i>	1
1.1	Mamíferos marinos en México	1
1.2	Mamíferos marinos en Oaxaca	2
1.3	Mamíferos marinos en el Golfo y Caribe mexicano	2
1.4	Problemáticas asociadas a mamíferos marinos	4
1.5	Varamientos de mamíferos marinos.....	4
1.6	Estudios genéticos en mamíferos marinos.....	6
1.7	Modelo biofísico	7
1.8	Especies analizadas.....	8
2	<i>Antecedentes</i>	11
2.1	Estructura genética en varamientos de mamíferos marinos.....	11
2.2	Simulación de mamíferos marinos a la deriva.	12
3	<i>Justificación</i>	14
4	<i>Hipótesis</i>	17
5	<i>Objetivos</i>	18
5.1	General.....	18
5.2	Particulares.....	18
6	<i>Metodología</i>	19
6.1	Zonas de muestreo y toma de datos.....	19
6.2	Datos y análisis genéticos	21
6.3	Simulación de cuerpos de mamíferos marinos a la deriva.	23
7	<i>Resultados</i>	30
7.1	Análisis genéticos.	30

7.2	Trayectoria y origen potencial de los mamíferos marinos varados de acuerdo al modelo biofísico.....	40
8	<i>Discusión</i>	52
9	<i>Conclusión</i>	58
10	<i>Referencias</i>	59

Índice figuras

FIGURA 1. ZONAS DE MUESTREO.....	20
FIGURA 2. ESQUEMA FUERZAS SOBRE EL CUERPO DE UN MAMÍFERO MARINO A LA DERIVA EN EL MAR.	26
FIGURA 3. MEDIDAS PARA ESTIMACIÓN DEL VOLUMEN EMERGIDO DE UN MAMÍFERO MARINO A LA DERIVA.	28
FIGURA 4. ÁRBOL DE MÁXIMA PARSIMONIA <i>STENELLA ATTENUATA</i> SAN AGUSTINILLO 30/04/17.....	32
FIGURA 5. RED HAPLOTÍPICA <i>STENELLA ATTENUATA</i> SAN AGUSTINILLO 30/04/17.....	33
FIGURA 6. ÁRBOL DE MÁXIMA PARSIMONIA <i>STENELLA LONGIROSTRIS</i> PUERTO ÁNGEL 21/01/19.....	35
FIGURA 7. RED HAPLOTÍPICA <i>STENELLA LONGIROSTRIS</i> PUERTO ÁNGEL 30/04/17.....	36
FIGURA 8. ÁRBOL DE MÁXIMA PARSIMONIA <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> YUCATÁN.....	38
FIGURA 9. RED HAPLOTÍPICA <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> YUCATÁN.....	39
FIGURA 10. ÁRBOL DE MÁXIMA PARSIMONIA JUVENIL <i>ARCTOCEPHALUS GALAPAGOENSIS</i> EL COYUL.	40
FIGURA 11. ESTIMACIÓN PROBABLE ÁREA DE ORIGEN VARAMIENTOS CCO. A. <i>STENELLA ATTENUATA</i> (30/04/17), B <i>STENELLA LONGIROSTRIS</i> (21/01/19), C <i>STENELLA LONGIROSTRIS</i> (19/08/18), D <i>STENELLA LONGIROSTRIS</i> (28/08/18).....	43
FIGURA 12. ESTIMACIÓN PROBABLE ÁREA DE ORIGEN VARAMIENTOS CCO. <i>PSEUDORCA CRASSIDENS</i> (15/04/2018).....	44
FIGURA 13. ESTIMACIÓN PROBABLE ÁREA DE ORIGEN VARAMIENTOS YUCATÁN. A. <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (22/06/16), B <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (07/02/16), C <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (20/02/16), D <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (31/05/16).....	47
FIGURA 14. ESTIMACIÓN PROBABLE ÁREA DE ORIGEN VARAMIENTOS YUCATÁN. A. <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (06/02/16), B <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (05/02/16), C <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (07/02/16).....	48
FIGURA 15. ESTIMACIÓN PROBABLE ÁREA DE ORIGEN VARAMIENTOS. A. <i>ARCTOCEPHALUS GALAPAGOENSIS</i> (15/05/19), B <i>ARCTOCEPHALUS GALAPAGOENSIS</i> (05/02/16).....	50
FIGURA 16. ESTIMACIÓN PROBABLE ÁREA DE ORIGEN VARAMIENTOS CAMPECHE. A. <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (16/02/13), B <i>TURSIOPS TRUNCATUS</i> (11/10/14).....	51

Índice tablas.

Tabla 1. Primers implementados en el trabajo discriminados por especie.....	19
--	----

1 Introducción

La denominación de mamíferos marinos se ha establecido en función de agrupar un conjunto de especies con alto grado de heterogeneidad debido a su carácter polifilético (Berta & Kovacs 2005). Por lo cual, esta acepción suele emplearse más de manera funcional que sistemática. Dicho ensamblaje comprende 129 especies (Wilson & Reeder 2005) dispuestas en tres órdenes: Cetacea, Carnivora y Sirenia. Todas estas especies caracterizadas por adaptaciones a la vida acuática y dependencia total o parcial del océano para cumplir sus necesidades vitales (Berta *et al.* 2015). El orden Cetacea agrupa ballenas, delfines y marsopas, a su vez el orden Carnivora reúne osos polares, leones marinos, focas y morsas, entre otros. Por último, se encuentra el orden Sirenia compuesto por manatíes y dugones.

1.1 Mamíferos marinos en México

Como grupo, los mamíferos marinos exhiben una amplia distribución. Sin embargo, esta se caracteriza por ser compleja y heterogénea a nivel de especie, fenómeno que puede ser explicado a través de diferencias en caracteres fisiológicos, ecológicos, etológicos e historias de vida. Este conjunto de características configura diferentes nichos y áreas de distribución. Ejemplo de lo anterior es la ballena jorobada *Megaptera novaeangliae* (Borowski 1781), especie cosmopolita que se distribuye a lo largo de 350 millones de kilómetros cuadrados, una distribución sumamente amplia si se contrasta con la distribución de la vaquita marina *Phocoena sinus* (Norris & McFarland 1958) la cual se restringe a la parte norte del Golfo de California y comprende un área de aproximadamente 4000 kilómetros cuadrados.

De las 129 especies de mamíferos marinos distribuidas alrededor del mundo, cerca del 50% (48 especies) han sido reportadas en México (Salinas & Ladrón de Guevara 1993; Torres *et al.* 1995; Aguilar & Contreras 2001). Dicho conjunto de especies tiene representantes en los tres órdenes de mamíferos marinos. Así, 41 especies corresponden al orden Cetacea, siete especies al orden Carnivora y una especie al orden Sirenia (Torres *et al.* 1995). La región nororiental de México comprendida por la península de Baja California y el Golfo de California registran las mayores riquezas con 40 y 34

especies respectivamente, valores similares de riqueza (34 especies) se han reportado para el Pacífico central. Por otro lado, las regiones del Golfo de México (GM) y el Caribe mexicano (CM) exhiben riquezas de 30 y 22 especies, respectivamente (González 2006, Medrano 2006). Al menos el 60% de las especies reportadas se encuentra en alguna categoría de riesgo bajo criterio de la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (IUCN 2013).

1.2 Mamíferos marinos en Oaxaca

Es de resaltar que la investigación de mamíferos marinos en México históricamente se ha centrado en el Océano Pacífico, específicamente en el Golfo de California (Ortega-Argueta *et al.* 2005). Pese a lo anterior, se ha dado un aumento del número de trabajos desarrollados recientemente en diferentes áreas geográficas a las habitualmente trabajadas, dicho proceso ha incrementado el registro de especies. De manera particular, para la costa central de Oaxaca (CCO) ha habido un incremento notorio en el número de trabajos de investigación, principalmente relacionados con el registro de especies de mamíferos marinos (v.g. Meraz & Becerril 2004, Villegas & Castillejos 2013, Villegas 2015). Entre las especies registradas en la zona se encuentran *Stenella coeruleoalba* (Meyen 1833), *Delphinus delphis* (Linnaeus 1578), *Balaenoptera musculus* (Linnaeus 1758), *Ziphius cavirostris* (Cuvier 1823), *Physeter macrocephalus* (Linnaeus 1758), *Orcinus orca* (Linnaeus 1758), *Megaptera novaeangliae* (Borowski 1781), *Globicephala macrorhynchus* (Gray 1843), *Grampus griseus* (Cuvier 1812), *Pseudorca crassidens* (Owen 1846), *Feresa attenuata* (Gray 1875), *Stenella longirostris* (Gray 1828), *Turpsiops truncatus* (Montagu 1821), y *Zalophus californianus* (Lesson 1828).

1.3 Mamíferos marinos en el Golfo y Caribe mexicano

Dentro de las cinco zonas propuestas para la distribución de mamíferos marinos en aguas mexicanas (Torres *et al.* 1995) el GM y el CM son agrupados en la zona 5, pese a que varios autores proponen que dichas regiones geográficas deberían estar separadas (Salinas & Ladrón de Guevara 1993; Ceballos *et al.* 2005). Estas regiones, particularmente el sur del Golfo de México (SGM) y el CM han sido zonas con un menor desarrollo en investigación de mamíferos marinos si son contrastadas con el Golfo de

California. Los mamíferos marinos del GM están comprendidos por 28 especies de cetáceos y una especie de sirenio (Jefferson & Schiro 1997; Würsig *et al.* 2000). El número de especies de ballenas y delfines en el GM corresponde al 60% de cetáceos que se distribuyen en México. Históricamente se tiene registro de una especie de pinnípedo que habitó el GM en la edad contemporánea (Ortega-Ortiz *et al.* 2004), la foca monje del Caribe *Neomonachus tropicalis* (Gray 1850), esta especie se extinguió a mediados del siglo veinte debido a factores antropogénicos (Le Boeuf *et al.* 1986). Se destaca que en el GM también habitó el lobo marino de California *Zalophus californianus*, esto se dio gracias a individuos que mantenidos en cautiverio en zoológicos escaparon estableciendo una población feral que a lo largo del tiempo no se mantuvo (Würsig 2017)

Pese a que la mayor cantidad de información sobre mamíferos marinos en el GM proviene de estudios realizados en la región del norte del Golfo que corresponde a territorio estadounidense (Würsig *et al.* 2000; Mullin & Fulling 2004; Würsig 2017), se destaca un incremento notorio en los trabajos de investigación con mamíferos marinos en SGM, particularmente información obtenida por medio del registro de varamientos y avistamientos oportunistas en cruceros oceanográficos (Villa-Ramírez 1969; Hugentobler & Gallo 1986; Solís-Ramírez 1995; Delgado-Estrella *et al.* 1998). Sumado a esto, se han realizado estudios de los efectos de las interacciones con actividades antropogénicas como la pesca de atún y camarón en aguas oceánicas (Delgado-Estrella 1997). Posteriormente, el estudio se focalizó en la especie *Tursiops truncatus* a lo largo de las costas de Campeche, Yucatán y Veracruz, dichos trabajos evaluaron tamaños poblacionales, abundancias y dispersión de poblaciones costeras (Delgado-Estrella 1996; Heckel 1992).

Los estudios a partir de los registros de varamientos en la región han permitido inferir interacciones de mamíferos marinos con procesos de pesca artesanal e industrial mediante dos formas, la primera de estas se relaciona con la competencia por alimento que se encuentra en las redes de pesca; el segundo tipo de interacción se da por el uso de organismos como cebo para atrapar tiburones (Ortega-Argueta *et al.* 2005). Paralelamente a los fenómenos mencionados se ha mantenido la colecta de información derivada de los varamientos en la región, como resultado de este proceso el número de especies en la región ha incrementado.

Pese a que se ha propuesto al GM y al CM como unidades separadas para el estudio de la riqueza y diversidad de los mamíferos marinos, el manejo como entidades conjuntas ha prevalecido en ciertos ámbitos investigativos (Auriol-Gamboa 2009). Este proceso ha dado lugar a un conocimiento escaso sobre los mamíferos marinos que habitan el Caribe mexicano a excepción de ciertas especies de importancia particular como el manatí antillano *Trichechus manatus manatus* (Linnaeus 1758).

1.4 Problemáticas asociadas a mamíferos marinos

Los registros enunciados anteriormente dan cuenta de problemáticas producto de interacciones antrópicas directas. Sin embargo, procesos como la contaminación de cuerpos de agua oceánicos pueden actuar indirectamente en el declive de las poblaciones de mamíferos marinos, ya que al estar en el tope de las cadenas tróficas los mamíferos marinos experimentan de un fenómeno de biomagnificación (Weisbrod *et al.* 2001). Este proceso se caracteriza por la acumulación de toxinas en tejidos grasos producto de procesos industriales, dichas toxinas generalmente no pueden ser metabolizadas, tampoco expulsadas del organismo. Problemáticas como la captura incidental, producto del empleo de diferentes artes de pesca, dentro de las que destacan redes de deriva y arrastre (Fortuna *et al.* 2010), así como actividades turísticas de observación en conjunto inciden negativamente en las poblaciones de mamíferos. A su vez, el aumento del comercio marítimo y con este el tráfico marino han generado cambios en la distribución de diferentes especies (Glockner & Ferrarri 1990). Estas problemáticas configuran, de manera sinérgica, un alto grado de vulnerabilidad para varias de las especies de mamíferos marinos presentes en México.

1.5 Varamientos de mamíferos marinos

Los varamientos son un fenómeno ampliamente distribuido a lo largo de las costas en el mundo, los primeros registros que destacan estos como sucesos anómalos datan del año 335 a.C. por Aristóteles, en su *Historia Animalium* hizo referencia a este fenómeno como “Es desconocido el por qué a veces corren a vararse en las playas. Sin embargo, esto sucede frecuentemente sin aparente razón y al parecer llevados por un capricho” (Geracy 1978, Ketten 2009). Los varamientos de mamíferos marinos son definidos como un

fenómeno en el cual un organismo o varios encallan en playa o a la orilla de un cuerpo de agua, por propios medios o llevados por la acción de corrientes, viento y oleaje en conjunto, siendo incapaces de retornar a su medio natural por sí mismos (Jefferson *et al.* 1993). El término se usa indistintamente si el individuo es encontrado vivo o muerto e incluso puede extenderse a animales que se encuentren muertos flotando a la deriva (Geraci & Lounsbury 2005). Es importante, señalar que en la literatura se suelen diferenciar los conceptos encallamiento y varamiento, los cuales son referidos en inglés como *beaching* y *stranding* respectivamente; el primero de estos se utiliza cuando un organismo se encuentra en aguas someras y por acción mecánica de las olas que lo llevan a la playa el animal es incapaz de moverse, aquí es donde se emplea el término encallamiento, puesto que el animal está rodeado en su totalidad por agua. Si este proceso continúa y el organismo es llevado hacia afuera del cuerpo de agua, el término que con mayor precisión describe este fenómeno es varamiento (Mignucci-Giannoni *et al.* 1999).

El proceso descrito anteriormente, a lo largo del tiempo ha mantenido intrigada a la comunidad científica, puesto que explicaciones singulares como la contaminación auditiva y las enfermedades, entre otras, no han elucidado la causalidad de este fenómeno (Pyenson 2011). Dicha problemática puede ser dividida en causas intrínsecas y extrínsecas, dentro del primer grupo se destacan enfermedad y senescencia. Mientras que la segunda denominación agrupa fenómenos como la contaminación marina, interferencias geomagnéticas y uso de sonares (Woodhouse 1991, Evans *et al.* 2005, Geraci *et al.* 2005).

Los eventos de varamiento pueden ser categorizados de acuerdo con los individuos involucrados en los mismos, si este es protagonizado por un individuo o una madre y su cría es denominado individual; si se ven involucrados dos o más individuos, se clasifica como masivo (Odell 1980). De igual manera, si el organismo llega vivo a la playa es activo o si está muerto es pasivo (Martin-Ortega *et al.* 2009). Dicha clasificación, inclusive puede hacerse más minuciosa empleando criterios como las especies presentes, el estado de los individuos, entre otros.

Es de resaltar que el gobierno mexicano, a través de la SEMARNAT emitió un protocolo de atención a varamientos de mamíferos marinos (D.O.F. 17/06/2014), este

cuenta con lineamientos base para responder a dichos eventos, procurando la obtención de información y la menor afectación a la salud pública.

1.6 Estudios genéticos en mamíferos marinos

Se entiende por genética la transmisión de rasgos hereditarios y la variación de estos en el tiempo. Los estudios genéticos de las poblaciones naturales implican el análisis e inferencias del grado de parentesco entre las unidades de estudio que pueden ser individuos, poblaciones y especies (Perrin *et al.* 2009). Los análisis genéticos por lo tanto, evalúan el grado de consanguinidad entre diferentes entidades a través del número de caracteres y rasgos compartidos, en el caso de las secuencias de ADN un mayor grado de parentesco se relaciona con menos diferencias entre las secuencias de nucleótidos analizadas.

Los estudios genéticos a nivel de población en mamíferos marinos se han focalizado en hallar estructura poblacional, a la par, han indagado sobre mecanismos intraespecíficos de evolución (Dizon *et al.* 1997). A fin de dar respuesta a estas interrogantes se han empleado marcadores moleculares como los microsatélites, los cuales son secuencias de ADN cortas y no codificantes con un determinado número de repeticiones nucleotídicas (Palumbi & Cipriano 1998). Asimismo, suele emplearse la región control, dicho fragmento constituye la única región no codificante dentro del genoma mitocondrial. Esta se caracteriza por presentar la mayor tasa de mutación dentro del genoma. El genoma mitocondrial es heredado por línea materna, esto implica que marcadores como los microsatélites y la región control mitocondrial cuenten con diferentes formas de transmisión, esto puede reflejar diferentes relaciones evolutivas de las mismas muestras (Palumbi & Baker 1994).

La variación genética está relacionada con el potencial evolutivo de las especies (Frankham *et al.* 2010; Taylor *et al.* 2010; Allendorf & Aitke. 2013). Sin embargo, evaluar la diferenciación genética de organismos como los mamíferos marinos los cuales no presentan barreras evidentes para su dispersión es un proceso complejo. Pese a lo anterior, ciertas poblaciones de mamíferos marinos se adaptan a condiciones locales, a través de procesos en los que limitan su dispersión y se genera estructura poblacional

(Hoezel *et al.* 1998), lo anterior da lugar a una mayor diferenciación de las poblaciones de mamíferos marinos. Un ejemplo de lo anterior es la especie *Tursiops truncatus* para la cual se han sugerido diferentes linajes (Moura *et al.* 2013) debido a ciertas especializaciones locales de acuerdo al hábitat. Este proceso se ha explicado para poblaciones costeras que se encuentran diferenciadas genéticamente.

1.7 Modelo biofísico

Modelo de circulación del océano

Los modelos numéricos hidrodinámicos buscan hacer una representación aproximada de la dinámica del océano para lo cual, por medio de algoritmos físico-matemáticos pueden describir o pronosticar el patrón espacio-temporal de las corrientes marinas. Este proceso equipara el océano a una malla que puede ser bidimensional o tridimensional, la cual a su vez está dividida en cuadrículas (también llamadas celdas) que pueden ser de tamaño constante o variable, cada una de estas celdas alberga información de n-variables (temperatura, salinidad, densidad, velocidad del agua, etc.). Un mayor número de celdas implica una mayor resolución del modelo y por ende, se espera una aproximación más certera del proceso físico (Chassignet *et al.* 2007)

Modelo Lagrangiano

Un modelo Lagrangiano estima el desplazamiento de un cuerpo en el océano calculando la posición de este en función del tiempo. Existen modelos lagrangianos de código abierto o cerrado, los cuales incluyen algoritmos que permiten el rastreo de partículas que experimentan procesos de advección en campos de velocidad que son obtenidos a través de modelos hidrodinámicos. Dichas partículas pueden ser susceptibles de configuración para representar organismos flotantes, lo cual se hace con el fin de realizar una aproximación al comportamiento que experimentaría un organismo a la deriva en el océano (Lett *et al.* 2008).

1.8 Especies analizadas

Con el fin de aproximarse una certera asignación poblacional se consulto en la literatura disponible los grupos poblacionales por especie que habitan las regiones analizadas. Este proceso se realizó para las especies *Stenella attenuata*, *Stenella longirostris* y *Tursiops truncatus*. Un análisis diferente fue requerido para *Arctocephalus galapagoensis*. Para el cual por características específicas del varamiento era necesario establecer una asignación a nivel de especie.

Stenella attenuata

A lo largo del Pacífico oriental tropical *Stenella attenuata*, se divide en dos subespecies por medio de análisis morfométricos (*S. a. graffmani*) un morfotipo costero y *S. a. attenuata* morfotipo oceánico (Perrin 2009). Con fines de conservación, los individuos oceánicos son divididos en dos unidades de manejo. El primero denominado nororiental que se encuentra al norte de los 5° N, 120°W y un grupo Suroccidental, entre los cuales se presenta un vacío en la distribución a lo largo de los 5°N (Leslie *et al.* 2016). Análisis genéticos mitocondriales han permitido diferenciar grupos poblacionales oceánicos y costeros, dentro de los individuos costeros se pueden identificar grupos de Costa Rica, Panamá y Ecuador. En la parte norte de la distribución los grupos poblacionales de Centroamérica y México presentan una baja estructura genética y los individuos oceánicos presentan una nula diferenciación genética con los grupos costeros mexicanos. Sumado a lo anterior, se presenta un fenómeno de haplotipos compartidos entre los diferentes grupos poblacionales, lo cual deriva en una escasa señal en los arboles filogenéticos y una difícil identificación de linajes genéticos (Escorza–Treviño *et al.* 2005).

Stenella longirostris

El delfín tornillo *Stenella longirostris* que se encuentra distribuido globalmente presenta cuatro subespecies definidas por características morfológicas. La subespecie *S. l. longirostris* distribuida en todas las aguas tropicales del mundo a excepción del Pacífico Oriental Tropical (POT). En el centro y el oeste del Pacífico tropical están asociados a islas, como Hawái. Existe una subespecie que habita en las costas de Centroamérica (*S.*

I. centroamericana) abarcando desde el suroeste de México hasta Panamá, de igual manera la subespecie (*S. I. orientalis*) se encuentra en aguas costeras que abarcan desde el sur de Baja California hasta Ecuador (Perrin *et al.* 1991). Con fines de conservación se ha propuesto un grupo poblacional denominado Whitebelly (Perrin *et al.* 1985) este ha sido propuesto como un enjambre híbrido entre las subespecies pantropicales del Pacífico central y occidental. Por último, existe un morfotipo denominado Tres Marías que se ubica en las islas de México que reciben el mismo nombre, pese a las diferencias morfológicas de este grupo, el mismo no ha sido considerado como una unidad de manejo (Perriman & Westlake 1998).

La existencia de diferentes subespecies no se ha evidenciado a través de análisis de diferenciación genética, inclusive este patrón es similar al evaluar diferencias poblacionales dentro de la especie donde no se presenta estructura poblacional (Dizon *et al.* 1994, Galver 2002). Leslie & Morin en 2016 hallaron diferenciación genética entre los grupos poblacionales de Centroamérica y Tres Marías. Sin embargo, esta no fue significativa. El empleo de SNP determinó bajos valores de diferenciación entre las poblaciones (Leslie & Morin 2016).

Tursiops truncatus

Los *Tursiops truncatus* del Caribe se caracterizan por presentar un ecotipo costero y uno pelágico distribuido mundialmente (Hoezel *et al.* 1998). El trabajo desarrollado por Caballero *et al.* (2011) llega a la misma conclusión y a la par determina tres grupos poblacionales mediante el empleo de ADN mitocondrial, dichas poblaciones se agrupan de la siguiente forma: a) Puerto Rico, b) Cuba, Colombia, Bahamas, México y c) Honduras. Sin embargo, esta diferenciación no es consistente cuando se emplean marcadores nucleares como los microsatélites los cuales permiten establecer cuatro poblaciones (Caballero *et al.* 2012). Los autores atribuyen este fenómeno a la presencia de los dos ecotipos, el costero y el distribuido mundialmente los cuales pueden dar lugar al tipo de estructura presente en la zona.

Arctocephalus galapagoensis

La especie *Arctocephalus galapagoensis* es un pinnípedo endémico de las Galápagos (Reeves *et al.* 1992), que habita generalmente el noroccidente del archipiélago, región rica en nutrientes asociada a zonas de surgencias (Salazar 2002). Al igual que varias especies de pinnípedos que habitan la costa de Pacífico su distribución es restringida y se limita a áreas costeras (Riedman 1990). La especie esta adaptada específicamente a condiciones climáticas ecuatoriales (Repenning *et al.* 1971). Sin embargo, hay registros de individuos de la especie fuera de su área de distribución, generalmente en costas de Suramérica y Centroamérica (Felix *et al.* 2001). La frecuencia de dichos registros se ve incrementada durante los años Niño (Capella *et al.* 2002; Aureoles-Gamboa *et al.* 2004).

2 Antecedentes

2.1 Estructura genética en varamientos de mamíferos marinos.

El objeto de investigación de la mayoría de proyectos que involucran genética y mamíferos marinos, ha sido indagar la variabilidad genética y estructura poblacional. Algunos de estos trabajos se caracterizan por restringirse estrictamente a individuos varados, otros pueden incluir animales muertos producto de enmallamientos e incluso se pueden añadir muestras de individuos en libertad (Parsons *et al.* 2002, Lázaro *et al.* 2004). La integración de varamientos de animales muertos y animales en vida libre se ha realizado en especies como *Ziphius cavirostris* (Dalebout *et al.* 2005), *Phocoenoides dalli* (Escorza–Treviño & Dizon 2000) y géneros como *Tursiops* (Natoli *et al.* 2004). Estudios de varamientos de mamíferos marinos realizados previamente en México son escasos, en su mayoría se concentran en el noreste del país (Enríquez-Andrade *et al.* 2005).

Una de las interrogantes que surgen sobre las muestras provenientes de varamientos es el origen del individuo, debido a que las corrientes marinas y el viento pueden influir en el rumbo del animal desde el sitio de muerte hasta su destino en playa. Esto difiere en muestras tomadas de animales en vida libre, las cuales pueden asociarse a un espacio geográfico, incluso haciendo uso de diversas técnicas de muestreo se pueden seleccionar tamaños de muestra y áreas de estudio predeterminadas (Bilgmann 2007, Gimenez *et al.* 2010). Dichas técnicas no implican respuestas conductuales adversas a lo largo del tiempo en los organismos y son mínimamente invasivas (Krützen *et al.* 2002, Gimenez *et al.* 2010). Pese a lo enunciado anteriormente, el muestreo de animales en vida libre puede implicar sesgos, dentro de los cuales se destaca la mayor probabilidad de toma de muestra de individuos relacionados, gracias a agrupaciones sociales donde los individuos están emparentados genéticamente. Lo anterior deriva en una estimación errónea de la estructura genética en una población, cabe destacar que esto puede ser corregido en análisis posteriores a la toma de muestra. Otro sesgo en el que posiblemente se puede incurrir es la errónea asociación geográfica de un área a un individuo vivo, que por causas como enfermedad o traumatismo tuvo dificultades para moverse por sí mismo y estuvo sometido a la deriva, originando que la biopsia sea tomada en un lugar diferente a donde habita.

El origen de los organismos es una pregunta constante cuando se trabaja con varamientos, subyace a esta incógnita si existe una relación entre el área donde varó el organismo y el origen de este (Weller *et al.* 1997). En consecuencia, las interpretaciones de las poblaciones basada en registros de varamientos carecen de certeza en cuanto al origen de los organismos, puesto que, en algunos casos estos han sido arrastrados por las corrientes y el viento, dando información errónea sobre las poblaciones locales y diluyendo una posible estructura genética poblacional presente en el ambiente (Bilgmann *et al.* 2011).

2.2 Simulación de mamíferos marinos a la deriva

Las bases de este tipo de estudios surgieron con estimaciones sobre los derrames de petróleo tratando de indagar sobre la trayectoria de las partículas que se encontraban en el mar (e.g. Hockney & Eastwood 1981, Lonin 1999). Posteriormente, se desarrollaron trabajos tratando de predecir la trayectoria descrita por los icebergs en el mar (Crepon *et al.* 1988). Los primeros trabajos que consideraron organismos fueron investigaciones con larvas de peces (Hinrichsen *et al.* 1997), implementando evaluaciones de las interacciones físico-biológicas sobre simulaciones de la deriva de estadios larvales (Allain *et al.* 2007). Seguidamente, fue empleada la simulación de cuerpos a la deriva para el rastreo de cuerpos humanos (Giertsen & Moril 1989, Ebbesmeyer 1993), la aplicación de estos trabajos se ha extendido a estudios en macrovertebrados marinos como tortugas y cetáceos (Hart *et al.* 2006, Peltier *et al.* 2012, Putman *et al.* 2013).

De igual manera, los estudios que involucran la advección de las corrientes marinas y el viento son aún más escasos (Peltier *et al.* 2012). En este caso particular, los autores hacen uso de un modelo oceánico de transporte de hidrocarburos denominado MOTHY desarrollado por Meteo-France el cual no es de libre acceso y por ende es difícil de replicar para diferentes zonas geográficas. Para implementar el esfuerzo del viento y su incidencia sobre la trayectoria de los organismos a la deriva es necesario remitirse a los trabajos desarrollados con icebergs (Smith 1993, Crepon *et al.* 1998), de estos pueden obtenerse los algoritmos iniciales, los cuales por medio del empleo de herramientas algebraicas pueden integrarse a fin de estimar el esfuerzo del viento sobre organismos

como los mamíferos marinos. A fin de estudiar los varamientos, varios autores tratan indistintamente si los individuos han muerto o están vivos (Geraci & Lounsbury 2005). En el presente estudio el término será empleado específicamente para individuos que hubiesen encallado muertos, sin embargo, se contó con dos casos excepcionales referentes a varamientos de juveniles de lobos finos de Galápagos, *Arctocephalus galapagoensis*.

3 Justificación

La totalidad de mamíferos marinos presentes en el mar territorial mexicano se encuentran bajo la protección de la Ley General de Vida Silvestre, aunado a su categorización en la NOM-059-SEMARNAT y clasificados en varios niveles del riesgo de acuerdo con la IUCN y la Convención sobre el Comercio Internacional de Especies (CITES). En el contexto de la conservación biológica se hace necesario el monitoreo de especies (Asseburg *et al.* 2006, Sergio *et al.* 2006), dicho proceso es definido por Elzinga *et al.* (2001) como "la recopilación y el análisis de observaciones repetidas o mediciones para evaluar los cambios en las condiciones y el progreso hacia el logro de un objetivo de gestión". Pese a esto, el monitoreo de mamíferos marinos presenta un sinnúmero de dificultades, entre las más importantes se destacan el alto costo, puesto que los avistamientos son oportunistas y la implementación de nuevas herramientas como el uso de sonares para determinar presencia en zonas biogeográficas son técnicas que demandan gran capital. Esto hace que el registro de datos de campo de mamíferos marinos demande grandes unidades de esfuerzo tanto en tiempo como en costo.

Una solución a la problemática que plantean los registros directos ha sido la implementación de indicadores de población, en la cual se hacen registros indirectos, por medio del empleo de técnicas como registro de varamientos. El registro de varamientos de mamíferos marinos permite disminuir los costos del monitoreo de especies marinas, dicha estrategia se caracteriza por no requerir equipo marítimo y tener una alta efectividad (Elzinga *et al.* 2001). En esta se propone recopilar información de individuos varados, a través de los cuales se obtienen datos poblacionales (Pyenson 2011). Este método demanda un menor esfuerzo si se compara con los registros directos realizados en campo.

Pese a su importancia, los varamientos y su causalidad han sido escasamente estudiados en México. Estos presentan un gran potencial de utilidad, puesto que permiten inferir u obtener información como riqueza, dieta, distribución espacial, entre otros parámetros ecológicos.

El empleo de los registros de varamiento de mamíferos marinos para la obtención de datos de las diferentes especies se vería ampliamente beneficiado por un método en

el cual se haga una estimación del origen de los individuos que llegaron muertos a playa. Es de resaltar que organismos varados en una misma región pueden no corresponder a un mismo grupo poblacional (Bilgman *et al.* 2011) o incluso a esa región. Se ha demostrado que en los trabajos de estructura poblacional, si las muestras provienen exclusivamente de organismos varados, se puede subestimar la estructura poblacional real (Bilgmann *et al.* 2011). Lo cual puede repercutir en la designación errónea de unidades de manejo. De igual modo, ubicaciones geográficas cuyas características oceanográficas las hagan focos o hotspots de varamientos, podrían sobreestimar erróneamente la riqueza real de las especies presentes en esa zona.

Con el fin de ahondar en conocimientos para indagar el origen de los mamíferos marinos varados, se hace necesario estudiar elementos tales como: ¿Qué linajes genéticos son partícipes en los varamientos? y ¿cuál es el papel de las corrientes marinas y el viento en la trayectoria y destino de los varamientos? Interrogantes de gran utilidad, puesto que como se mencionó anteriormente, los datos provenientes de varamientos son relevantes ecológica y evolutivamente. En este contexto, la Costa Central de Oaxaca (CCO) y la península de Yucatán (PY) caracterizadas por la alta afluencia de mamíferos marinos, se erigen como lugares ideales para el estudio de varamientos de mamíferos marinos.

El presente trabajo trata de dar respuesta a las interrogantes planteadas en el párrafo anterior mediante dos tipos de aproximaciones. En primera instancia se hizo uso de marcadores moleculares mitocondriales, para hacer inferencias poblacionales mediante el empleo de la reconstrucción filogeográfica, tomando secuencias de la región control de mamíferos marinos previamente publicadas. Adicionalmente se realizó una modelación numérica de cuerpos a la deriva mediante un modelo Lagrangiano alimentado con campos de velocidad obtenidos de un modelo hidrodinámico, e implementando el desarrollo de cuerpos flotantes para determinar características de comportamientos a la deriva de los mamíferos marinos. De esta manera el presente estudio planteó hacer dicha simulación utilizando la técnica conocida como retroceso (*backward* en inglés), a fin de determinar la zona de origen geográfico de donde potencialmente proviene el o los mamíferos varados y analizar esta información junto con el análisis genético de origen filogeográfico. Lo anterior, faculta al presente trabajo y a los

registros de varamientos analizados como una fuente potencial de información para el monitoreo de especies e incluso para el análisis de dinámicas poblacionales, tales como posibles cambios en la distribución. Cabe destacar, que la eficiencia de un plan de monitoreo está determinada por tres componentes: relevancia ecológica, rentabilidad y una significancia estadística. Este trabajo plantea una solución contemplando dichos componentes. Este enfoque sinérgico, implementando los dos tipos de herramientas propuestos, brindó una respuesta de carácter holista frente a la pregunta de donde provienen los varamientos de mamíferos marinos.

4 Hipótesis

Si se realiza una aproximación del origen filogeográfico de los mamíferos marinos varados, simultáneamente con la modelación de cómo las corrientes marinas y el viento configuran los destinos de los varamientos, esto nos permitirá hacer inferencias sobre las poblaciones de origen de las especies de mamíferos marinos varadas.

5 Objetivos

5.1 General

Evaluar del origen filogeográfico y la incidencia de las corrientes marinas y el viento en los varamientos de mamíferos marinos en la costa central de Oaxaca y la península de Yucatán, por medio del empleo de linajes mitocondriales y simulaciones numéricas.

5.2 Particulares

- Determinar el origen filogeográfico de los mamíferos marinos varados en la costa central de Oaxaca y en la península de Yucatán.
- Determinar el origen geográfico del varamiento a través de un modelo biofísico que considere estados de descomposición, influencia de las corrientes y viento sobre el cuerpo de un mamífero marino a la deriva.
- Analizar el papel que juegan las corrientes marinas y el viento en el destino de los varamientos de mamíferos marinos en las áreas de estudio.

6 Metodología

6.1 Zonas de muestreo y toma de datos

Las zonas de muestreo (Figura 1) donde se realizó el presente trabajo comprendieron a la CCO (A), desde Puerto Escondido como límite en el oeste, hasta Salina Cruz como punto al extremo este. La PY (B), a su vez, se dividió en dos áreas geográficas: Campeche y Yucatán. Para cada varamiento fueron registrados los siguientes datos: fecha de varamiento, estado, localidad, municipio, playa, latitud, longitud, nombre científico de la especie colectada, sexo, nomenclatura dada a la muestra, estado de descomposición y observaciones (Anexo A).

Los registros de varamientos fueron clasificados de acuerdo a la probabilidad de haber sido detectados inmediatamente, con el fin de tener certeza sobre el día, hora y estado de descomposición del individuo al varar. Dicha categorización se basó en características de las costas como el hecho de que estén continuamente monitoreadas, o que se encuentren aledañas a comunidades que presentaban un tránsito regular de gente. Sumado a lo anterior gran número de los varamientos contaron con necropsia en la cual se detallaban características, tales como si el organismo llegó a la playa con vida, así como posibles causas de muerte como colapso del sistema respiratorio o interacciones antropogénicas evidenciadas a través de golpes o cortes limpios con objetos punzocortantes.

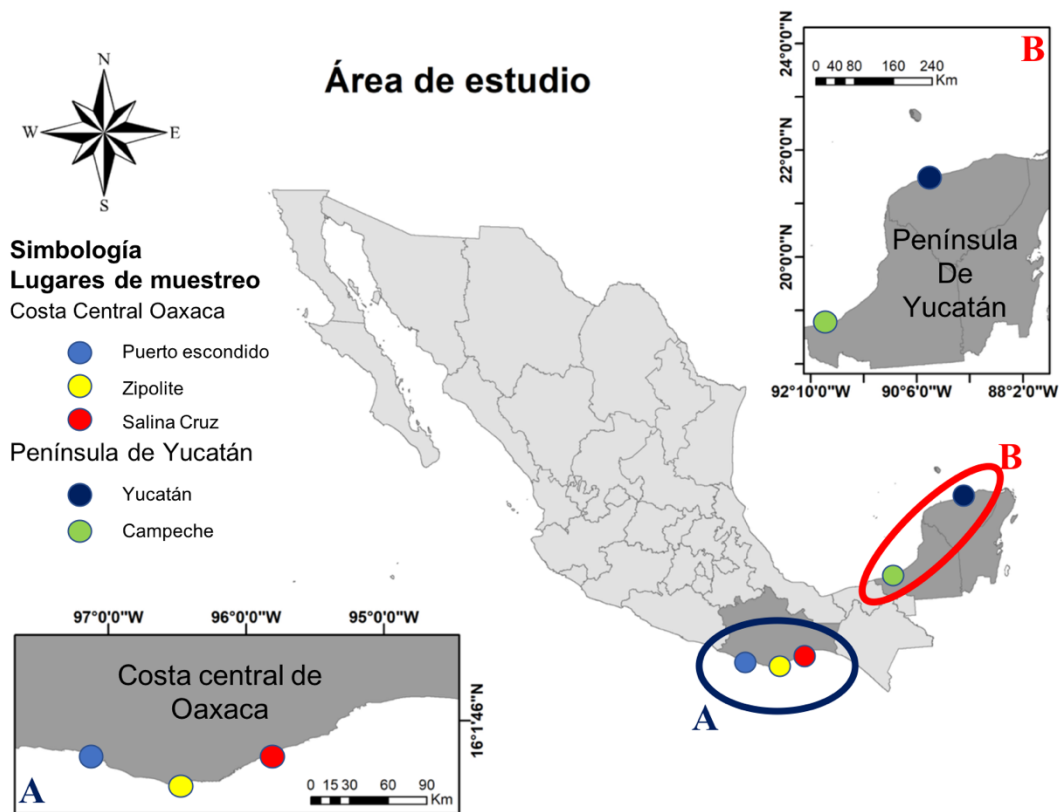


Figura 1 Zonas de muestreo. La región de la costa central de Oaxaca, CCO (A), comprende Puerto Escondido, Zipolite y Salina Cruz. La península de Yucatán, PY (B), comprende Campeche y Yucatán

El número de días en que el organismo estuvo a la deriva se infirió siguiendo la clasificación del Acuerdo Regional para la Protección de Pequeños Cetáceos ASCOBANS (por sus siglas en inglés) (Peltier & Ridoux 2013), este trabajo dictaminó las características de descomposición de los delfines en el mar y las relacionó con los días en que los mismos estuvieron a la deriva. La clasificación es la siguiente:

- **0 – 5 días (A):** se da la presencia de ojos, pérdida de piel en las aletas igual al 25%, pérdida de piel en la cabeza menor o igual al 25%
- **5 – 10 días (B):** se da la presencia de ojos, pérdida de piel en las aletas del 25% al 75%, pérdida de tejidos no mayor al 10%, pérdida de piel en la cabeza del 25% al 50%
- **10 - 20 días (C):** se da la presencia de ojos o al menos uno, pérdida de piel en las aletas entre el 50 y 75%, pérdida de tejidos entre el 10 y el 25%, pérdida de piel

en la cabeza del 50%, pérdida de tejidos en la cabeza entre el 0 y 10%, pérdida de piel corporal del 75%, posible pérdida de la mandíbula

- **20 - 30 días (D):** no se da la presencia de ojos, pérdida de piel en las aletas entre el 50 y 70%, pérdida de tejidos en las aletas entre el 25y el 75%, pérdida de piel en la cabeza del 50%, pérdida de tejidos en la cabeza entre el 0 y 10%, pérdida de piel corporal del 75%, pérdida de tejidos en el cuerpo del 10 al 25%, posible pérdida de la mandíbula, posible pérdida de falanges, posible pérdida de los huesos carpianos
- **30 - 40 días (E):** no se da la presencia de ojos, pérdida de piel en las aletas el 100% pérdida de tejidos en las aletas entre el 75 y 100% pérdida de piel en la cabeza del 100%, pérdida de tejidos en la cabeza l 100%, pérdida de piel corporal del 100%, pérdida de tejidos en el cuerpo del 75 y 100%, pérdida de la mandíbula, pérdida de falanges, pérdida de los huesos carpianos, pérdida del cráneo.

Es importante puntualizar que la información de los días a la deriva del mamífero y la correlación con los porcentajes de descomposición tomados del trabajo del ASCOBANS son de gran utilidad, puesto que esta investigación determinó que la tasa de inmersión de un mamífero marino que lleva días a la deriva es constante en diversas estaciones del año, y por ende en diferentes condiciones climáticas, el porcentaje de descomposición el cual está relacionado con el clima y la temperatura no afectaba la flotabilidad de los cuerpos, su efecto es del 0.08% sobre la trayectoria y deriva de un cuerpo, por lo cual el estudio puede aplicarse en mares tropicales. Este análisis se hace a los 41 días a la deriva del organismo, se destaca que en un número mayor de días los organismos tienden a hundirse.

6.2 Datos y análisis genéticos

A partir de los individuos varados se tomó una muestra de tejido la cual fue conservada en etanol al 97%. El ADN fue extraído mediante el empleo del kit comercial GentraPure Gene para tejidos de QIAGEN® (Chatsworth CA). Una vez obtenido el ADN, se verificó la calidad y concentración de ADN genómico total mediante geles de agarosa y nanodrop,

se amplificó un fragmento de la región control del genoma mitocondrial de las diferentes especies. Las reacciones de PCR se realizaron siguiendo las condiciones descritas por los autores de los primers seleccionados para cada especie Tabla 1.

Tabla 2 Primers implementados en el trabajo discriminados por especie. Tm corresponde a la temperatura de fusión implementada en cada par de primers.

Espece	Primer forward	Sec. 5'3'	Primer reverse	Sec. 5'3'	Tm °C
<i>Tursiops truncatus</i>	F2	GTGACGGGGCCTTTCTAA (Islas-Villanueva 2010).	Rev	GTGACGGGGCCTTTCTAA (LeDuc <i>et al.</i> 1999)	55
<i>Stenella longirostris</i>	F2	GTGACGGGGCCTTTCTAA (Islas-Villanueva 2010).	Rev	GTGACGGGGCCTTTCTAA (LeDuc <i>et al.</i> 1999)	72
<i>Stenella attenuata</i>	F2	GTGACGGGGCCTTTCTAA (Islas-Villanueva 2010).	Rev	GTGACGGGGCCTTTCTAA (LeDuc <i>et al.</i> 1999)	72
<i>Arctocephalus galapagoensis</i>	ZcalF	CCTAAGACTCAAGGAAGAAGCA Desarrollado en el presente trabajo	ZcalR	TGCACCTCATGGTTGTATGA Desarrollado en el presente trabajo	59

Se amplificó una región de 656 pb de bases para la especie *Arctocephalus galapagoensis* mediante el empleo de los primers ZcalF (5'CCTAAGACTCAAGGAAGAAGCA 3') y ZcalR (5'TGCACCTCATGGTTGTATGA 3') diseñados en el presente estudio por medio de una secuencia de *Zalophus californianus* (secuencia NC_008416.1). Las condiciones de PCR fueron 0.30 µl dNTPs, 0.45 µl MgCl₂, 20 mM Tris-HCl pH 8.0, 50 mM KCl, 0.3 µM por cada primer 0.14 U/µL Taq-polimerasa y 20 ng de ADN con una desnaturalización inicial de 4 min a 95°C, seguido por 30 ciclos de 45 segundos a 94°C, 1 minuto a 59°C, 1 minuto a 72°C, con una extensión final de 5 minutos a 72°C.

Las secuencias obtenidas fueron revisadas y editadas, en los casos en los que se tenían secuencias forward y reverse, se empalmaron para obtener secuencias consenso. Sumado al trabajo descrito anteriormente, se extrajeron del Genbank la mayoría de las secuencias disponibles para cada una de las especies trabajadas en el estudio (Anexo B), las cuales fueron agrupadas por región geográfica para hacer posteriormente los

análisis de inferencia poblacional, dentro de las secuencias obtenidas del Genbank fueron descartadas aquellas que presentaban vacíos dentro de la secuencia. Finalmente, las secuencias obtenidas en laboratorio y en el Genbank se alinearon en conjunto con el programa Mega 7 (Tamura *et al.* 2013)

Posteriormente se realizaron reconstrucciones filogenéticas con el método de máxima verosimilitud en el programa MEGA (Kumar *et al.* 1993). Mediante el programa NETWORK v.4.6.1.1 (Bandelt *et al.* 1999) se construyó una red de haplotipos por especie empleando el algoritmo median-joining. Por último, se determinó la asociación entre los grupos de haplotipos (haplogrupos) correlacionándolos con el espacio geográfico con la finalidad de evaluar la distribución espacial de los linajes mitocondriales.

6.3 Simulación de cuerpos de mamíferos marinos a la deriva

Con el fin de estimar las coordenadas a partir de las cuales se originó la trayectoria que siguió un organismo a la deriva bajo la acción de las corrientes marinas y el viento se hizo necesario dividir en varias etapas dicho proceso. La primera de estas fue la obtención de datos de un modelo numérico de la circulación del océano, que posteriormente se utilizaron para alimentar un modelo Lagrangiano en el cual se acoplaron características biofísicas de los organismos de estudio.

Bajo este marco conceptual, se hizo uso de las salidas del modelo oceánico de coordenadas híbridas (HyCOM, por sus siglas en inglés). Este modelo es fruto de un esfuerzo multi-institucional que cuenta con el patrocinio del programa de asociación geográfica nacional (NOPP, por sus siglas en inglés), el cual tiene por finalidad desarrollar un modelo numérico que represente tridimensionalmente el comportamiento oceánico con alta precisión y en tiempo real. HyCOM hace uso de datos obtenidos a través de observaciones de altimetría satelital, así como datos obtenidos por medio de una serie global de batitermógrafos desechables, boyas ancladas y perfiles verticales de flotadores ARGO, CTD y XBT, estos en conjunto proporcionan datos como temperatura, salinidad, elevación superficial del mar, flujos de calor, precipitación, descargas fluviales, intensidad y dirección del viento, todas estas variables se encuentran georreferenciadas espacialmente. Cabe mencionar que el modelo HyCOM de re-análisis global utilizado

para las muestras de la CCO tiene una resolución horizontal de $1/12^\circ$ (~7km) con 32 capas verticales, con salidas a intervalos de cada tres horas. Por otro lado, el modelo utilizado para la PY tiene una resolución de $1/25^\circ$ (~3km) con 36 capas verticales, con salidas a intervalos de tres horas, ambos permiten tener una acertada representación de la física del océano superior a escala global (Chassignet *et al.* 2007). Esta mayor resolución se logra gracias a un esfuerzo de gran envergadura concentrado en el Golfo de México producto de la Oficina Naval de Oceanografía (NAVOCEANO) y el consorcio de investigación del Golfo de México (CIGoM).

Con el fin de utilizar las salidas del modelo hidrodinámico HyCOM para alimentar un modelo Lagrangiano que permitiera el seguimiento del cuerpo de los mamíferos a la deriva en el mar fue necesario desarrollar un código de instrucciones (script en inglés) que re-escribiera los campos de velocidades del HyCOM para su uso en el programa Ichthyop (Lett *et al.* 2008). Dicho programa incluye un algoritmo Lagrangiano para calcular la advección que experimenta un cuerpo en el mar debido al campo de corrientes marinas y la velocidad del viento, este proceso calcula la dispersión horizontal del cuerpo y exhibe alta sensibilidad en el rastreo de partículas a la deriva en el mar.

Los cálculos realizados mediante Ichthyop permiten hacer inferencia sobre la posición del cuerpo en los días anteriores al varamiento determinando la trayectoria que describió el cuerpo del mamífero marino desde su lugar de origen o muerte hasta el varamiento en playa, dicha simulación hace uso de una técnica denominada backward (es decir el cálculo es hacia atrás). Los días que se mantuvo esta simulación estuvieron determinados por la clasificación previa que se había realizado sobre la descomposición de los cuerpos (ver subsección 6.1). El sistema Ichthyop-HyCOM ha demostrado gran fidelidad en el seguimiento de boyas a la deriva (Putman *et al.* 2012). De igual manera ha sido ampliamente usado en trabajos con mega-vertebrados (Putman *et al.* 2013, Griñan 2019).

La posición de un cuerpo (X_p), que para fines didácticos trataremos como una partícula, está determinada en función de un tiempo t ($\vec{x}_p(t)$) y se obtiene al resolver la ecuación de primer orden:

$$\frac{d\vec{x}_p}{dt} = \vec{u}(\vec{x}, t), \quad (\text{Ec. 1})$$

Al integrar esta ecuación se obtiene:

$$\vec{x}(t) = \vec{x}_p(t=0) + \int_0^t \vec{u}(\vec{x}, r) dr \quad (\text{Ec. 2})$$

El modelo Lagrangiano Ichthyop da solución a la Ecuación 2, haciendo uso del mismo tipo de coordenadas que el modelo numérico hidrodinámico, usando el método Runge-Kutta de cuarto orden y un intervalo temporal de 180 minutos. Pese a que este proceso puede integrar las tres componentes de la velocidad (u , v , w) evaluando una dispersión tridimensional, solo fueron consideradas las componentes u y v que corresponden al flujo de agua horizontal, a través de estas, mediante una interpolación lineal en t se obtuvo la posición del organismo cada tres horas, durante el número de días que el mismo estuvo a la deriva.

A partir de la Ecuación 2 y con el fin de integrar variables que influyen en el desplazamiento del cuerpo se hace uso de la Ecuación 3.

$$m \frac{\partial \vec{V}}{\partial t} + m f k \vec{V} = \vec{F}_{(v-rv)} + \vec{F}_{(c-rc)} \quad (\text{Ec. 3})$$

Esta permite describir el movimiento del organismo e introducir las diferentes fuerzas a las que se ve sometido el cuerpo en el mar, donde t es el tiempo, \vec{V} la velocidad horizontal, f el parámetro de Coriolis, k el vector unitario en la componente vertical, \vec{F}_v la fuerza de arrastre dada por el viento, \vec{F}_{vr} es la fuerza de la fricción del viento, \vec{F}_c la fuerza de arrastre producto de la corriente y \vec{F}_{cr} es la fuerza de la fricción producto de la corriente (Figura 2).

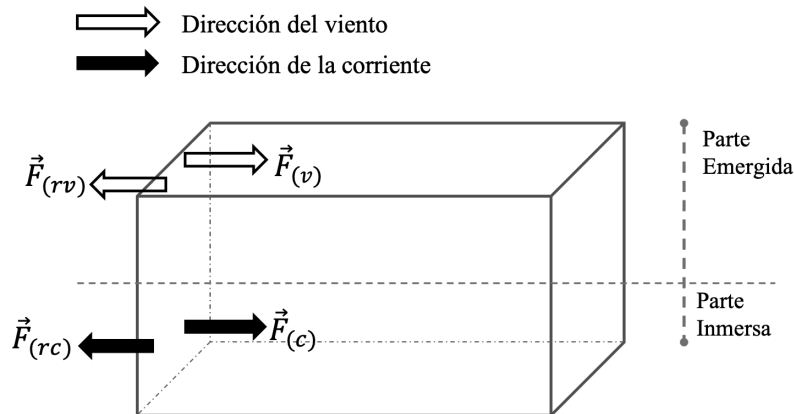


Figura 2. Esquema de fuerzas que actúan sobre el cuerpo de un mamífero marino a la deriva en el mar. Se esquematiza también la parte emergida e inmersa del cuerpo (modificado de Peltier *et al.* 2012)

Esfuerzo del viento

Es importante destacar que la Ecuación 3 integra el viento en los cálculos de rastreo, esto es de suma importancia, ya que la implementación de este y su efecto sobre la trayectoria de mega-vertebrados en el mar ha sido escasa, pese a que tiene gran incidencia en los cuerpos a la deriva (Peltier *et al.* 2012). Para estimar el esfuerzo del viento ejercido sobre el cuerpo se hizo uso de las ecuaciones que describen el movimiento de un iceberg en el océano (Crepon *et al.* 1988, Smith 1993, Bigg *et al.* 1996, Pierre & Hu 1997) (Ver Ecuaciones 5 y 6).

El proceso físico de cómo el viento afecta la parte emergida demandó de un modelo numérico que implementara los campos de velocidad del viento superficial. Este fue extraído mediante el REMSS (Remote Sensing System), el cual se encarga de compilar información proveniente del escaterómetro ASCAT (<http://www.remss.com/>), este se destaca por ser un satélite de banda C con tres antenas polarizadas verticales el cual transmite pulsos a 5.255 GHz, las posiciones de la antena con respecto al satélite son de 45, 90 y 135 grados. Gracias a esto podemos obtener las componentes de la velocidad y la dirección del viento a nivel superficial. Sumado a lo anterior, fue necesario estimar el efecto del viento superficial sobre el cuerpo a la deriva, este análisis requirió de la determinación del volumen y área superficial del cuerpo emergido.

Con el fin de dar respuesta a las interrogantes planteadas, se realizó un proceso fotogramétrico, con el fin de determinar datos morfométricos tales como área superficial y volumen de los individuos varados, estos datos fueron integrados al modelo biofísico para hacerlo más robusto. La técnica implementada es denominada en inglés “Structure-from-motion Photogrammetry” (Fonstad *et al.* 2013). Esta técnica consiste en la toma de un registro fotográfico, estableciendo puntos de referencia sobre el mismo. A partir de esta información que es colectada en imágenes de dos dimensiones se establecen asociaciones entre diferentes puntos generando patrones, que sumados a la georreferenciación de cada imagen y el empleo de algoritmos de asociación permite obtener medidas con alta precisión de un objeto en el espacio (Burns *et al.* 2015). De igual manera, la radiación electromagnética desempeña un papel fundamental puesto que a través de un plano bidimensional se extraen datos de profundidad o volumen con alto grado de precisión. Este análisis requirió el uso de un lenguaje y entorno de programación Python 3.7. Cabe destacar que esta técnica es altamente innovadora en el contexto del presente trabajo puesto que no ha sido utilizada previamente en estudios de mamíferos marinos. Incluso puede brindar respuestas a interrogantes que involucren características morfométricas de mamíferos marinos para los cuales, por su forma, talla y manejo, es difícil implementar técnicas métricas de alta precisión (Gruen 1997).

El volumen emergido del cuerpo del mamífero fue obtenido mediante el proceso fotogramétrico descrito en el párrafo anterior. Para esto, en primera instancia, se realizó un cálculo integral de la parte emergida a partir de cada organismo aproximando el mismo a un elipsoide (Figura 3) donde L_1 es largo, L_2 es ancho y H_{max} corresponde a la altura de la parte emergida, esto permitió plantear la Ecuación 4 para determinar el volumen emergido (V_e):

$$V_e = \frac{L_1 * L_2 * H_{max}}{4} \quad (\text{Ec. 4})$$

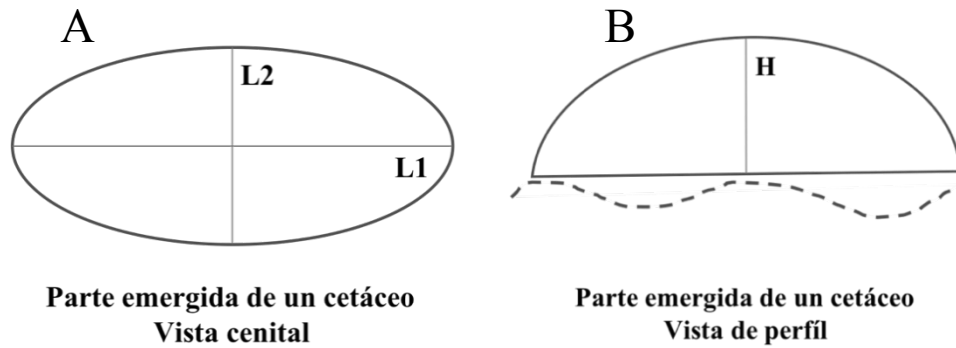


Figura 3 Medidas para estimación del volumen emergido de un mamífero marino a la deriva. **A** Vista cenital, **B** Medición altura parte emergida (modificado de Peltier *et al.* 2012)

Este volumen emergido corresponde a 1/3 del volumen total del organismo, sobre esta área y volumen fueron implementados los análisis previamente descritos, para esto fueron utilizadas las relaciones cuadráticas (Ecuaciones 5a, 5b) que calculan el esfuerzo del viento a partir de los componentes de velocidades.

$$\tau_x = \rho_a C_d |\mathbf{W}| W_x \quad (\text{Ec. 5a})$$

$$\tau_y = \rho_a C_d |\mathbf{W}| W_y \quad (\text{Ec. 5b})$$

Donde W_x y W_y corresponden a los componentes horizontales de la velocidad del viento sobre la superficie del mar, ρ_a es la densidad del aire, C_d es el coeficiente de arrastre calculado de acuerdo a (Wu 1982)

$$C_d = (0.8 + 0.065 |\mathbf{W}|) 10^{-3}$$

Este cálculo nos permitió estimar un porcentaje del esfuerzo del viento sobre el cuerpo, el cual aunado con el volumen nos permitió generar un código en Python para que fuese integrado al cálculo de advección por parte del Ichthyop.

El modelo Lagrangiano puede no mostrar alta sensibilidad para procesos contiguos a la playa como las corrientes litorales las cuales se producen entre la zona donde rompen las olas y la playa. Para disminuir la incertidumbre asociada a la resolución espacial del modelo, se realizaron 400 simulaciones a lo largo de una franja de 4 km tomando como punto central las coordenadas del varamiento y extendiéndose 2 km a

cada lado a lo largo de la playa. El resultado de dichas simulaciones se guardó en un archivo NetCDF (Network Common Data Format) (Rew & Davis 1990) (<https://www.unidata.ucar.edu/>), este es un tipo de archivo de datos multidimensionales organizados en bibliotecas con la capacidad de manejar altos volúmenes de datos, a estos archivos les fueron extraídas las coordenadas de las posiciones del cuerpo del mamífero a la deriva en diferentes tiempos, con el objetivo de estimar el probable sitio de origen. Posteriormente estos datos fueron transformados en KMZ un lenguaje basado en XML que nos permite representar los datos geográficos obtenidos en Qgis v3.6 (Qgis Development Team) un software de análisis espacial. Una vez representados los datos espacialmente se incorporó información geográfica como masa continental, línea de costa, masa de agua y georreferenciación de la trayectoria y probables puntos de origen.

Posteriormente, se procedió a generar una rejilla o malla de 6.25 kilómetros cuadrados para dividir la porción del mar sobre la cual recaían todos los puntos de la simulación incluyendo el lugar de origen. Para esto fue necesario que dichos puntos fueran transformados de KMZ a Shapefile, este es un tipo de archivo donde se almacenan datos espaciales. Al tener dispuestos los puntos sobre una rejilla de determinada área fue posible implementar análisis estadísticos espaciales. Cabe resaltar que este tipo de trabajo no se ha desarrollado anteriormente por lo cual se usaron dos análisis estadísticos que se consideran los más apropiados para hacer este tipo de evaluación. El primero de estos se denomina densidad Kernel e identifica como se da la agrupación de puntos en un espacio determinado y como estas agrupaciones son cercanas a otros puntos dando un valor estadístico a la densidad.

El segundo análisis denominado HotSpot, identifica la organización de clústeres (agrupaciones de puntos) en un espacio, teniendo presente el valor de estos, que en este caso sería el número de puntos de origen que contiene cada uno de los cuadros de la rejilla formada. Basado en estos criterios se realiza un análisis estadístico (Gi_Bin) contrastando las entidades formadas con una distribución aleatoria de los puntos y los valores dentro de cada cuadro, esto genera unas entidades de salida que son medidas de significancia estadística p y z . este proceso fue realizado para cada una de las cuatrocientas simulaciones dentro de cada varamiento y permitió asignar una probabilidad al punto de origen estimado del varamiento.

7 Resultados

De los 16 organismos analizados con el modelo biofísico se obtuvieron respectivamente 16 tejidos. Para los cuales se obtuvo ADN de buena calidad para ocho muestras. Se logró amplificar un total de ocho individuos y se secuenciaron ocho fragmentos de ADN, los cuales correspondieron a ocho organismos de cuatro diferentes especies, el primero fue un delfín manchado tropical *Stenella attenuata* varado en la playa San Agustín en la CCO el 30 de abril de 2017. El segundo fue un delfín tornillo *Stenella longirostris* varado en el muelle de Puerto Ángel en la CCO el 21 de enero de 2019.

De las seis secuencias restantes, cinco pertenecieron a varamientos de la especie *Tursiops truncatus* en la península de Yucatán. El primero de estos designado como YUC 02 fue un varamiento de una hembra en la playa Mina de Oro en el GM el 22 de junio de 2016. El segundo denominado como YUC 04 correspondió a un individuo varado el 20 de febrero de 2016 en la localidad de Progreso. El Tercero YUC 05 fue una hembra varada en el ayuntamiento de Progreso el 31 de mayo de 2016. El cuarto YUC 09 fue un macho varado en Sisal el 7 de febrero de 2016. El quinto YUC 010 fue una hembra varada en Sisal el 6 de febrero de 2016. La última secuencia correspondió al varamiento de un lobo fino de las Galápagos *Arctocephalus galapagoensis* varado en El Coyul CCO el 15 de mayo de 2019.

Para *Stenella attenuata*, *Stenella longirostris* y *Tursiops truncatus* se descargaron del GenBank 79, 47 y 76 secuencias del genoma mitocondrial respectivamente. Posteriormente, para realizar la asignación poblacional de *Arctocephalus galapagoensis* se obtuvieron seis secuencias de la misma especie, sumado a tres de *Arctocephalus townsendi*, seis de *Arctocephalus forsteri*, dos de *Arctocephalus australis* y dos de *Zalophus californianus*. Por último, se realizó la reconstrucción filogenética para cada una de estas especies.

7.1 Análisis genéticos

Los análisis genéticos revelaron la relación de las muestras de los varamientos con las poblaciones vecinas o circundantes, incluso los individuos analizados en dichas muestras pudieron discriminarse o diferenciarse claramente de poblaciones que habitan mares o regiones diferentes a las contempladas, esto para los cetáceos analizados. Sin embargo,

no fue posible en ninguno de los casos analizados poder hacer una asignación poblacional certera, esto se debió a que dentro de las especies analizadas no se presentó o evidenció una estructura poblacional marcada en las regiones trabajadas lo cual puede ser atribuido a la escasa información disponible o fenómenos como flujo genético o alelos compartidos.

Stenella attenuata

La secuencia obtenida fue contrastada con las 79 restantes descargadas del Genbank. La figura 4 corresponde a un árbol de máxima parsimonia con 500 repeticiones de Bootstrap, como grupo externo se empleó una secuencia de *Tursiops truncatus*. Para dicho árbol se encontró la mayoría de las secuencias disponibles para la especie a lo largo del este del Pacífico tropical, agrupadas de acuerdo a regiones geográficas. A fin de hacer más claro el análisis se empleó un sistema de nomenclatura para el cual las secuencias que incluyen el sufijo M corresponden a México, el sufijo E Ecuador, el sufijo CR Costa Rica, el sufijo CA Centro América y el sufijo OC oceánicas. De igual manera se agregó el prefijo Satt a haplotipos que se encuentran distribuidos en varias regiones. Por último, se nombró la secuencia obtenida como S attOaxaca que corresponde a un *Stenella attenuata* varado en la playa San Agustín en la CCO el 30 de abril de 2017. El organismo se agrupó en un clúster con cinco *Stenellas* mexicanos y dos costarricenses bajo un soporte de 63 para dicho clúster. El organismo de estudio se relaciona con individuos de regiones cercanas y se puede inferir su cercanía a dichas poblaciones. Pese a que no se pueden discriminar en el árbol claramente los grupos poblacionales, fenómeno que puede ser explicado por flujo genético existente o alelos compartidos.

En la red (Figura 5) el individuo analizado (estrella) presentó un haplotipo en baja frecuencia, cercano a haplotipos mexicanos, oceánicos y costarricenses. De igual manera, compartió el haplotipo con poblaciones mexicanas, centroamericanas y oceánicas. Se logran a identificar regiones donde preponderan grupos poblacionales, sin embargo, estos no logran discriminarse con claridad, puesto que en dichas regiones se hallan haplotipos de otras regiones y existen haplotipos ubicados irregularmente en zonas distantes. De igual manera el haplotipo oceánico se ubica a lo largo de la red.

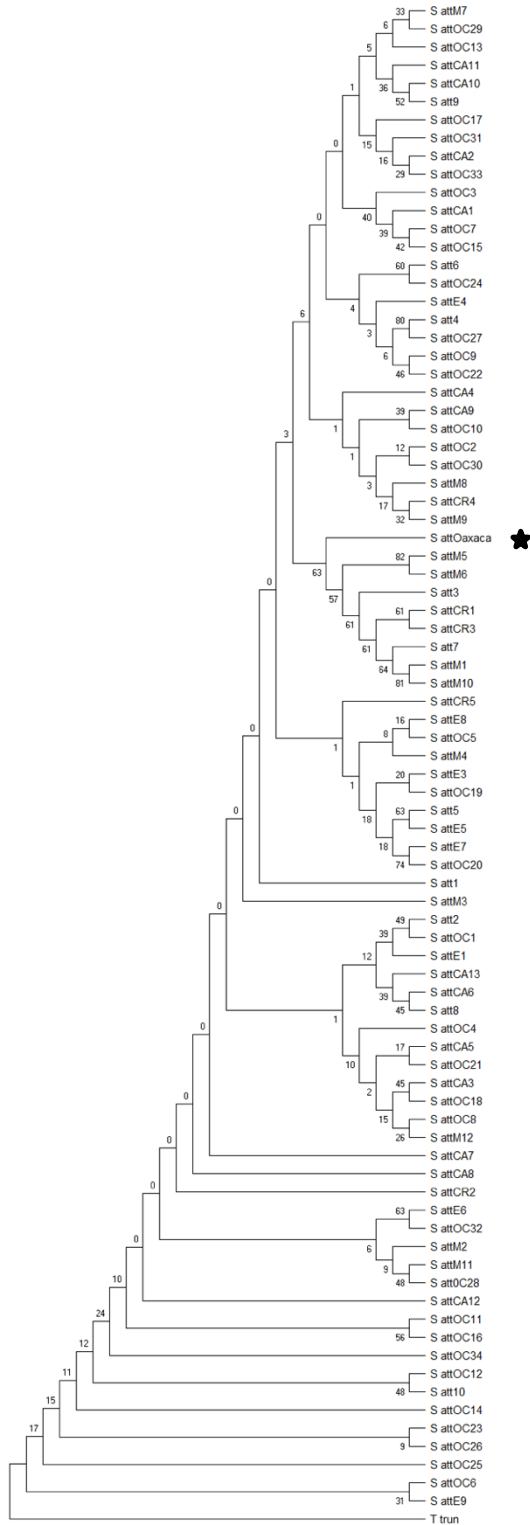


Figura 4. Árbol de máxima parsimonia 500 repeticiones de Bootstrap de un individuo de *Stenella attenuata* (S attOaxaca) (estrella negra) varado en playa San Agustín CCO el 30/04/17, grupo externo *Tursiops truncatus*.

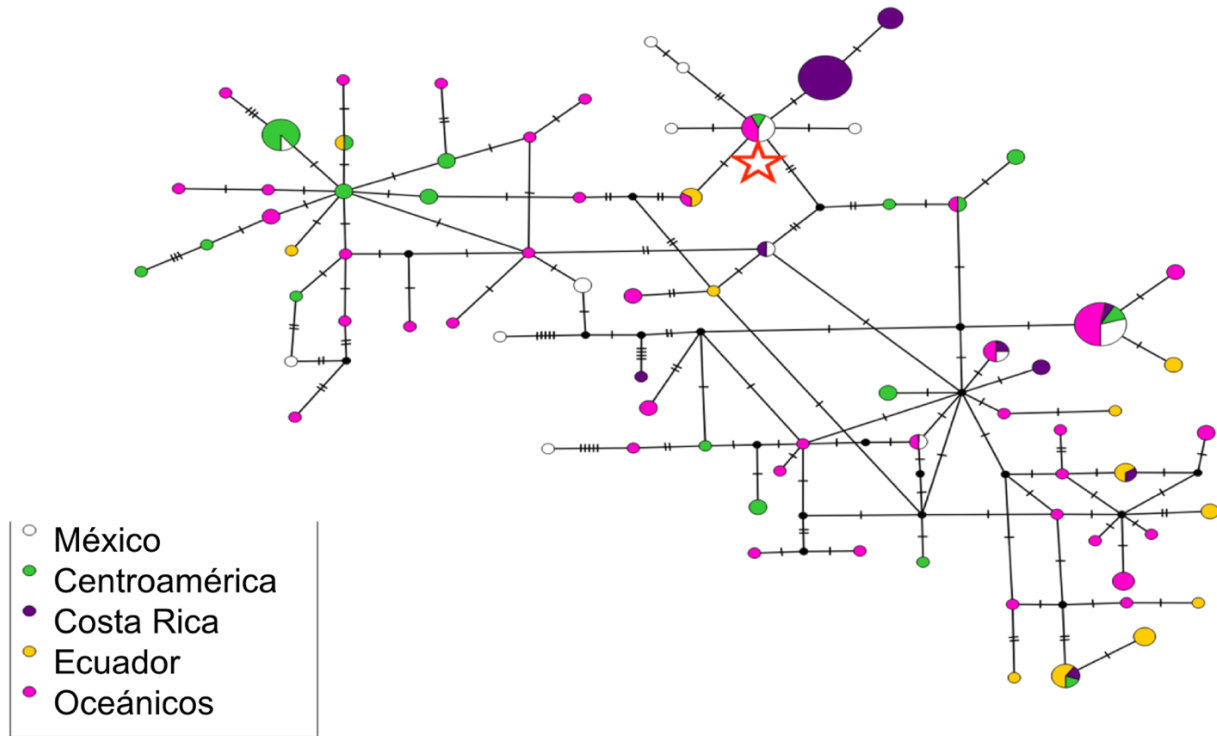


Figura 5. Red haplotípica de un individuo de *Stenella attenuata* (S attOaxaca) marcado con la estrella roja, varado en playa San Agustínillo CCO el 30/04/17.

Stenella longirostris

La figura 6 corresponde al árbol de máxima parsimonia con 500 repeticiones de Bootstrap, como grupo externo se empleó una secuencia de *Steno bredanensis*. En dicho árbol se agrupó la secuencia obtenida del individuo *Stenella longirostris* varado en el muelle de Puerto Ángel el 21 de enero de 2019, denominada S lon Oaxaca y las 76 secuencias descargadas de *Stenella longirostris* de individuos distribuidos a lo largo del océano Pacífico.

Con el fin de realizar una mejor comprensión de los resultados se empleó un sistema de nomenclatura para el cual las secuencias que incluyen el sufijo CA corresponden a haplotipos de individuos localizados en Centroamérica, el sufijo EP agrupa secuencias del este del Pacífico, TM a Tres Marías, W a Whitebelly, H Hawái y por último, WP que corresponde al oeste del Pacífico.

En el árbol de la figura 6 muestra a S lon Oaxaca (estrella negra) anidado en un clúster con un haplotipo de Tres Marías (TM) bajo un soporte de 22, posteriormente se asocia en un clúster mayor con haplotipos de Whitebelly (W), Centroamérica (CA), este

del Pacífico (EP). A su vez, S lon Oaxaca se encontró distante de organismos localizados en Hawái (H), presentando una mayor diferenciación con organismos del oeste del Pacífico (WP). Esta diferenciación de los organismos distribuidos en el oeste del Pacífico es constante, sí se contrasta dicho grupo poblacional con las restantes poblaciones contempladas en el análisis.

Se destaca igualmente, a lo largo del árbol la diferenciación y agrupación de ciertos haplotipos de Hawái en un clúster. Sin embargo, tres de estos haplotipos se encuentran fuera de dicha agregación, dos de ellos S lonH2 y S lonH3 son más cercanos al clúster donde se encuentran la mayoría de los haplotipos de Hawái, siendo S lonH4 el más distante a dicha agrupación, anidándose en un clúster con un haplotipo proveniente de Tres Marías. Al igual que en el anterior análisis, no se evidenció de forma clara una estructura poblacional salvo si son excluidos del análisis los haplotipos del oeste del Pacífico. Se destaca la diferenciación de S lon Oaxaca con grupos poblacionales distantes como EP y H, sin embargo, a nivel regional a escalas reducidas, no se evidenció una estructura genética clara que permita adjudicar la muestra a una población en particular.

La baja estructura genética hallada se evidenció de manera más clara en la figura 7, la cual corresponde a la red mitocondrial que incluye a S lon Oaxaca y las secuencias de *Stenella longirostris* descargadas, se muestra que los haplotipos de diferentes poblaciones no están estructurados o agrupados espacialmente, esto nos permite inferir un fenómeno de baja estructura genética a nivel regional. El organismo analizado marcado con una estrella roja presenta una frecuencia baja y se encuentra más cercano a haplotipos del Pacífico oriental, Centroamérica y Tres Marías. De igual manera, se muestra una diferenciación de algunos haplotipos del oeste del Pacífico, sin embargo, este proceso no es claro para toda la población, puesto que algunos haplotipos de esta región se encuentran azarosamente distribuidos lo largo de la red. De igual manera, este proceso de diferenciación no es consistente en las otras regiones contempladas.

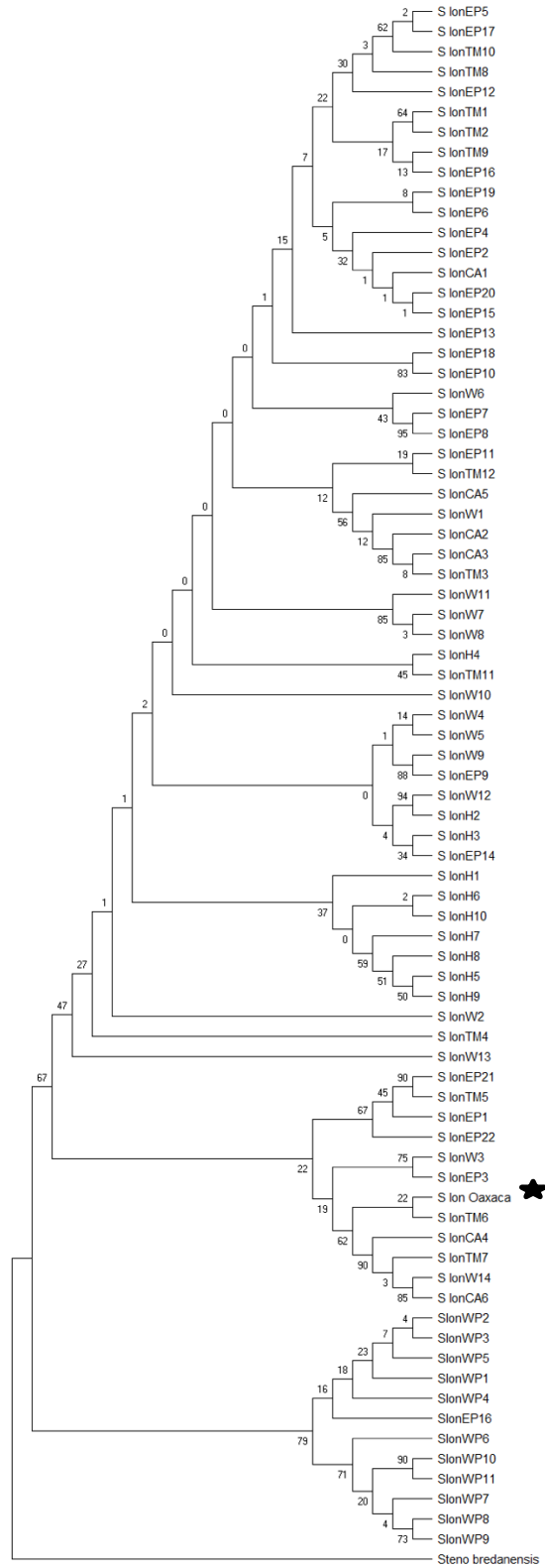


Figura 6. Árbol de máxima parsimonia 500 repeticiones de Bootstrap bajo un modelo de mutación Tamura Nei de un *Stenella longirostris* (*S lon Oaxaca*) varado en el muelle de Puerto Ángel CCO el 21/01/19. Grupo externo *Steno bredanensis*

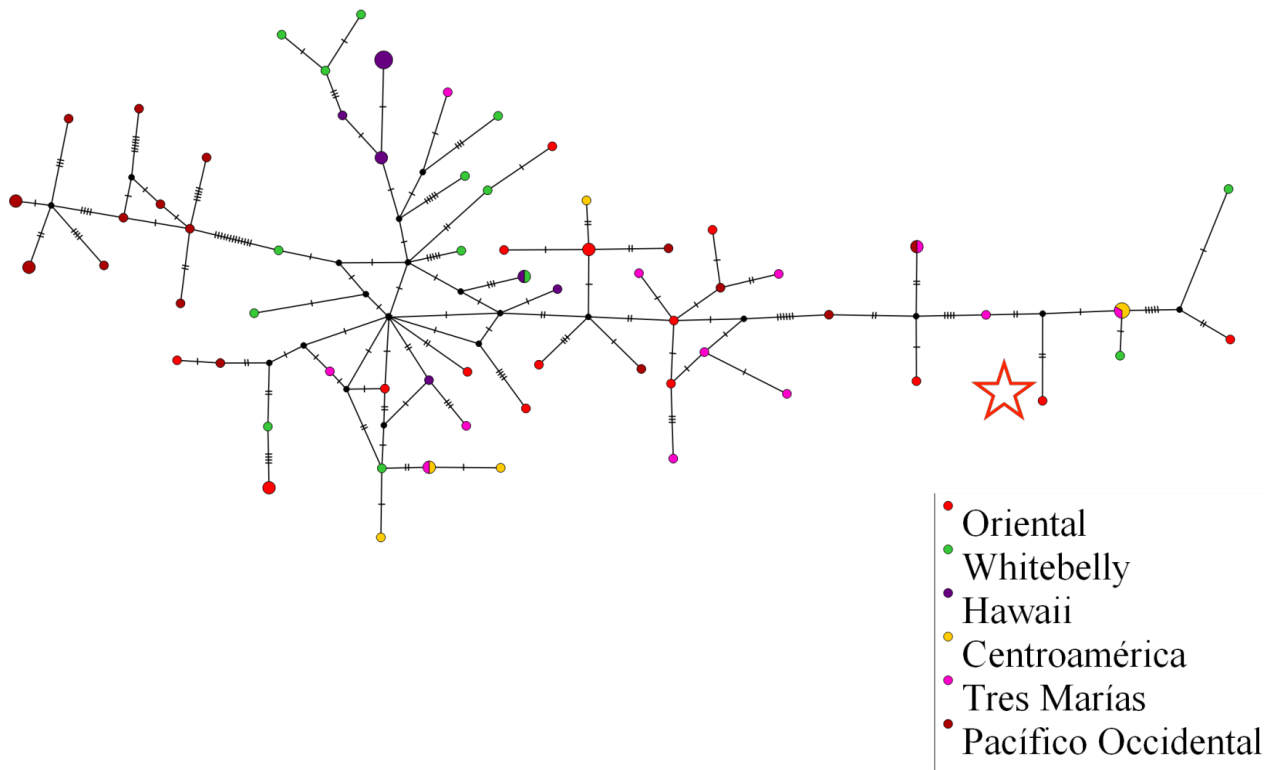


Figura 7. Red haplotípica de un individuo de *Stenella longirostris* (S lon Oaxaca) varado en el muelle de Puerto Ángel CCO el 30/04/17.

Tursiops truncatus

La figura 8 corresponde a un árbol de máxima parsimonia con 500 repeticiones de Bootstrap, el cual incluyó cinco secuencias de *Tursiops truncatus* de Yucatán. La especie en la región se caracteriza por presentar un haplotipo costero y uno pelágico (Caballero *et al.* 2011). Para mejor comprensión se designó a YC 02 con la letra **A**, la cual correspondió a la secuencia de una hembra de *Tursiops truncatus* de 2.49 m de largo varada el 22 de junio de 2016 en la playa Mina de Oro, Yucatán. De igual manera **B** (YUC 09) fue un macho varado en Sisal el 7 de febrero de 2016, **C** (YUC 04) correspondió a un individuo varado el 20 de febrero de 2016 en Progreso, **D** (YUC 05) fue una hembra varada en el ayuntamiento de Progreso el 31 de mayo de 2016 y **E** (YUC 010) fue una hembra varada en Sisal el 6 de febrero de 2016

De igual manera con el fin de hacer más claro el análisis se empleó un sistema de nomenclatura para agrupar las secuencias obtenidas en el Genbak de acuerdo a su procedencia, para lo cual las que incluyen el prefijo NGM correspondieron a individuos del Norte del Golfo de México, los individuos del oeste del Atlántico costeros (WNAC), los

individuos del oeste del Atlántico pelágicos con (WNAP), de la misma forma se nombró los haplotipos de las Bahamas con el prefijo BAH y por último haplotipos que se distribuían a lo largo de varias regiones se les añadió el prefijo Ttrucar.

Se destacó en el árbol de la figura 8 que el haplotipo del organismo A se encontró anidado en un clúster con B ambos cercanos a C, estos tres están agrupados y son más cercanos a haplotipos del norte del Golfo de México reuniéndose en un clúster mayor con NGM1, NGM2, NGM3, NGM4 Y NGM5. Sin embargo, en este mismo clúster se agruparon Ttrucar 2, 15 y 19, los cuales corresponden a haplotipos hallados en varias regiones. Por otra parte, los haplotipos de los organismos D y E se organizaron dentro de un mismo clúster los mismos son cercanos a haplotipo de Ttrucar 13, 10 y 1.

El clúster donde se agrupan los haplotipos del A al E con los del norte del GM y los de amplia distribución, se diferencia bien del clúster de los del oeste del Atlántico, tanto pelágicos como costeros.

En la red mitocondrial (Figura. 9) los haplotipos A, B, D y E se asociaron con haplotipos mexicanos, estos últimos D y E están más aislados y son más cercanos a haplotipos de individuos costeros del Noreste Atlántico.

Pese a que el haplotipo C se relacionó estrechamente con haplotipos mexicanos teniendo una posición central y una mayor frecuencia en la red mitocondrial, el individuo comparte el haplotipo con poblaciones de Cuba, Puerto Rico y el norte del Golfo de México.

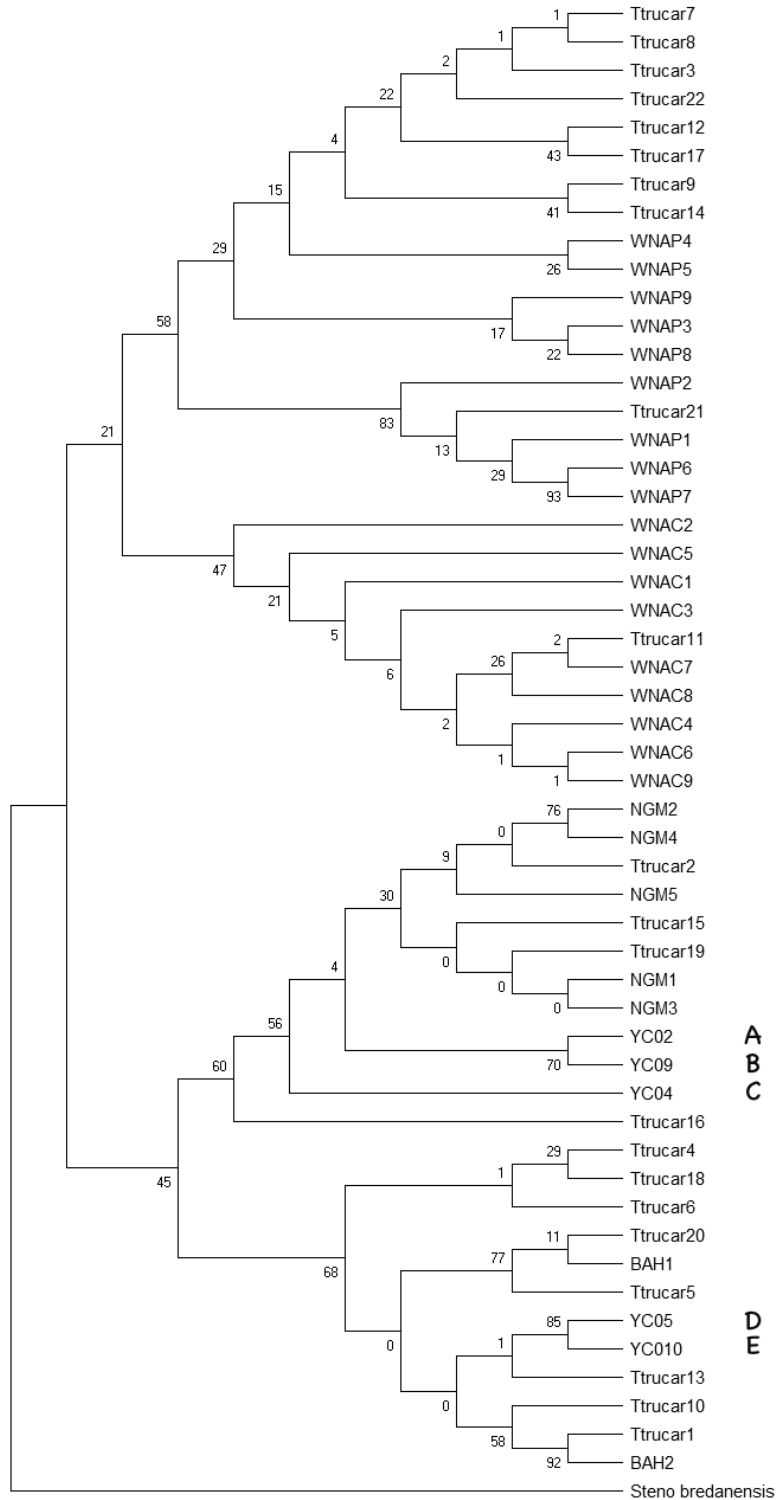


Figura 8. Árbol de máxima parsimonia 500 repeticiones de Bootstrap bajo un modelo de mutación Tamura Nei de cinco individuos *Tursiops truncatus* varados en Yucatán. A - hembra varada en la playa Mina de Oro el 22/06/2016. B - macho varado en Sisal el 7/02/2016. C - organismo varado el 20/02/2016 en Progreso. D - hembra varada en el ayuntamiento de Progreso el 31/05/2016 y E - hembra varada en Sisal el 6/02/2016 Grupo externo *Steno bredanensis*

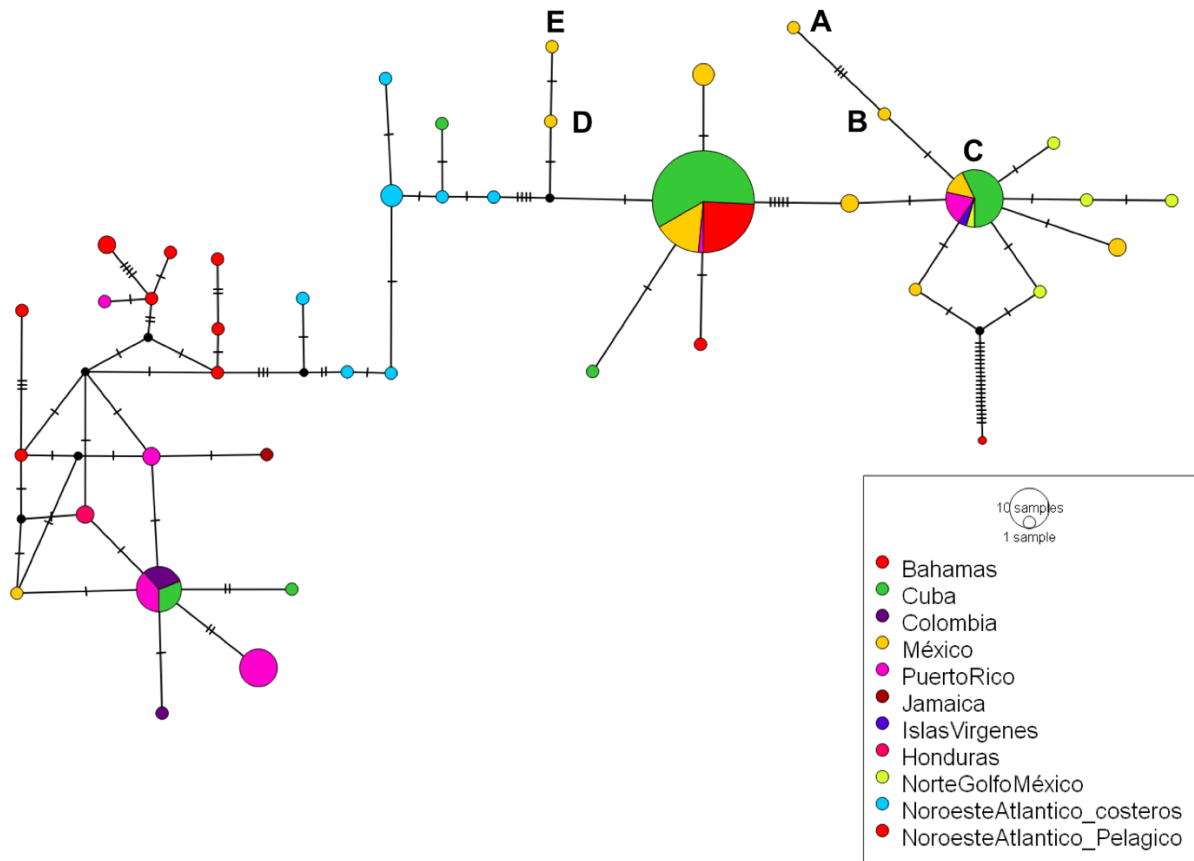


Figura 9. Red haplotípica de cinco *Tursiops truncatus* varados en Yucatán. A. una hembra varada en la playa Mina de Oro el 22/06/2016. B un macho varado en Sisal el 7/02/2016. C un organismo varado el 20/02/2016 en Progreso. D una hembra varada en el ayuntamiento de Progreso el 31/05/2016 y E una hembra varada en Sisal el 6/02/2016 Grupo externo *Steno bredanensis*

Arctocephalus galapagoensis

La figura 10 corresponde al árbol de máxima parsimonia con 500 repeticiones de Bootstrap, se destaca que la secuencia obtenida en laboratorio denominada como UM71 Oaxaca se agrupó en un clúster en el que exclusivamente se encuentran secuencias de *Arctocephalus galapagoensis*, el soporte de dicha rama fue de 100. La especie más cercana a esta agrupación fue *Arctocephalus townsendi*, la cual se reunió en un clúster con tres secuencias de la especie bajo un soporte de 98. Posteriormente, encontramos a las especies *Arctocephalus forsteri* y *Arctocephalus australis*. Por último, la especie más distante es *Zalophus californianus* para la cual dos secuencias de la especie se ordenaron en un clúster bajo un soporte de 100

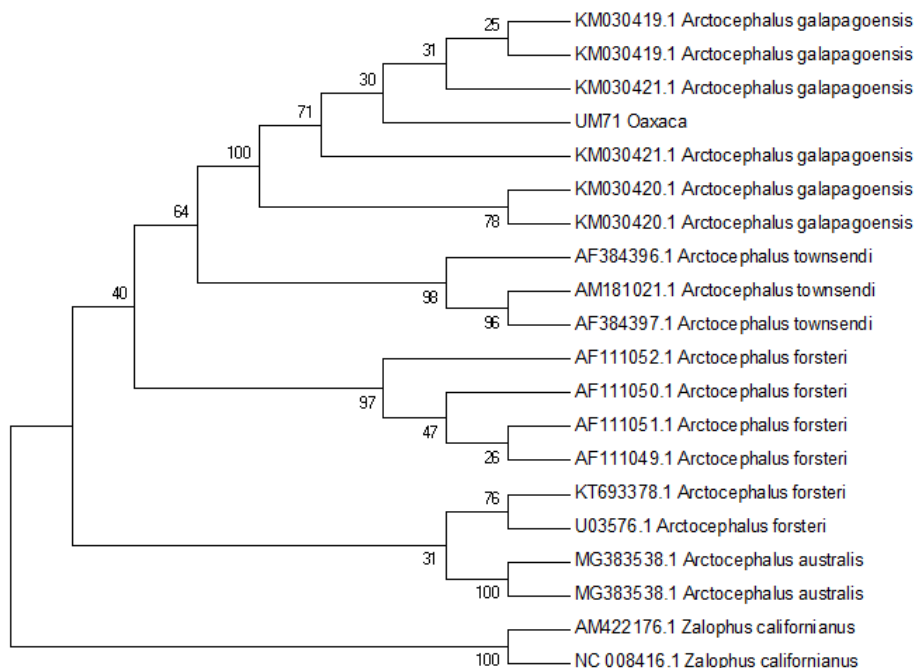


Figura 10. Árbol de máxima parsimonia 500 repeticiones de Bootstrap de una juvenil de *Arctocephalus galapagoensis* (UM71 Oaxaca) varado en El Coyul, San Pedro Huamelula, paraje Brinca Perros.

7.2 Trayectoria y origen potencial de los mamíferos marinos varados de acuerdo al modelo biofísico.

Antes de realizar las simulaciones con el modelo lagrangiano, se llevó a cabo el cálculo del volumen y área superficial del organismo, el proceso completo para la estimación de estos parámetros se describe en el Anexo C. Se realizaron un total de 8900 simulaciones independientes para indagar el origen de 16 varamientos de los cuáles ocho contaron con los análisis genéticos. Las simulaciones son presentadas y agrupadas por región geográfica, aclarando en su descripción a cuáles de estas fue aplicado el análisis genético detallado en la sección anterior. El orden manejado en la sección es el siguiente: primero serán presentadas las simulaciones de la CCO la cual consta de cinco varamientos. Posteriormente, son presentadas siete simulaciones de varamientos de *Tursiops truncatus* en Yucatán. Seguidas por dos simulaciones concernientes a dos varamientos de *Arctocephalus galapagoensis* en CCO. Por último, se muestran dos

simulaciones que corresponden a dos eventos de varamiento de *Tursiops truncatus* en Campeche.

Costa central de Oaxaca

La figura 11 A corresponde al varamiento de un *Stenella attenuata* denominado S attOaxaca en la sección anterior. El organismo varó el 30 de abril de 2017 en la playa San Agustín en la CCO, las coordenadas de la probable área de origen son 15°36'00"N, 96°37'55"W. La distancia recorrida por el organismo fue ~15 km en línea recta desde su probable origen hasta su destino en playa. La dirección que presentó el varamiento a partir de su lugar de origen fue hacia el noreste, aunque en la primera parte del recorrido la tendencia fue hacia el suroeste. La trayectoria del organismo a la deriva fue meandrica, caracterizada por la presencia de ondulaciones irregulares en la primera parte de su recorrido, posteriormente presentar una tendencia unidireccional hacia el final de este.

La figura 11 B corresponde a una hembra de *Stenella longirostris* denominada S lon Oaxaca en la sección anterior, varada en el muelle de Puerto Ángel el 21 de enero de 2019. Las coordenadas de la probable área de origen son 15°38'00"N, 96°23'55"W. Se destaca que este varamiento parece provenir de una región distante a la playa, el recorrido descrito por el espécimen fue ~22 km en línea recta desde su probable área de origen hasta el destino en playa. El organismo se desplazó hacia el noreste desde su probable lugar de partida. La primera etapa del trayecto presentó una tendencia unidireccional, siendo altamente sinuoso en la parte media del recorrido, posteriormente retorna a ser lineal y perpendicular al aproximarse a playa.

Las tres simulaciones restantes para la CCO se caracterizan por carecer de análisis genético, dentro de estas se realizaron 1500 simulaciones independientes para indagar el origen de los tres varamientos. El primer varamiento figura 11 C corresponde de un delfín listado *Stenella coeruleoalba* (UM063) varado el 18 de agosto de 2018 en Puerto Escondido. El reporte de la necropsia del individuo indicó el estado emaciado del organismo. La longitud corporal era de 2.17 metros. Como resultado de las 500 simulaciones se determinó que el individuo probablemente provino de un área contigua a un centro urbano llamado Barra de Navidad. Las coordenadas de la probable área de

origen son aproximadamente 15°42'40"N, 96°59'30"W. El organismo se desplazó hacia el norte desde su probable lugar de origen. El trayecto descrito por el organismo tuvo una trayectoria unidireccional manteniéndose perpendicular a la playa. Presentando meandros no mayores a 12 m de radio a lo largo del recorrido.

Se catalogó un segundo varamiento en este grupo figura 11 D, el cual corresponde a un delfín tornillo *Stenella longirostris*, varado el día 28 de agosto de 2018 en la playa Tangolunda en Bahías de Huatulco, Oaxaca. Las coordenadas de la probable área de origen estimadas con el modelo son 15°49'00"N, 95°57'30"W, esta región se caracteriza por su cercanía un asentamiento urbano El Coyul. La distancia en línea recta aproximada desde el área de origen hasta la zona de varamiento es de 22 kilómetros.

La última simulación realizada en este grupo correspondió a la figura 12, la cual describe la trayectoria de una falsa orca *Pseudorca crassidens* (UM062) varada el 15 de abril de 2018 en la playa Punta Arena, Huatulco. Este organismo presentó un corte limpio en su aleta dorsal, así como marcas de enmallamiento. Se destaca al hacer la atención del varamiento la condición lactante del individuo, puesto que presentaba una dentición incipiente. Producto de las 400 simulaciones se obtuvo el área probable de origen, las coordenadas de dicho sitio son 15°54'00"N, 95°10'55"W. Al efectuar el análisis estadístico sobre la malla generada se determinó que el individuo murió en una región cercana a Salina Cruz, una ciudad portuaria con alto tráfico de navíos. La trayectoria que presentó el organismo a la deriva fue unidireccional y se mantuvo paralela a la línea de costa, presentando meandros con extensiones mayores a 2 km, escasamente definidos a lo largo del recorrido. El organismo se desplazó hacia el oeste desde su probable área de origen.

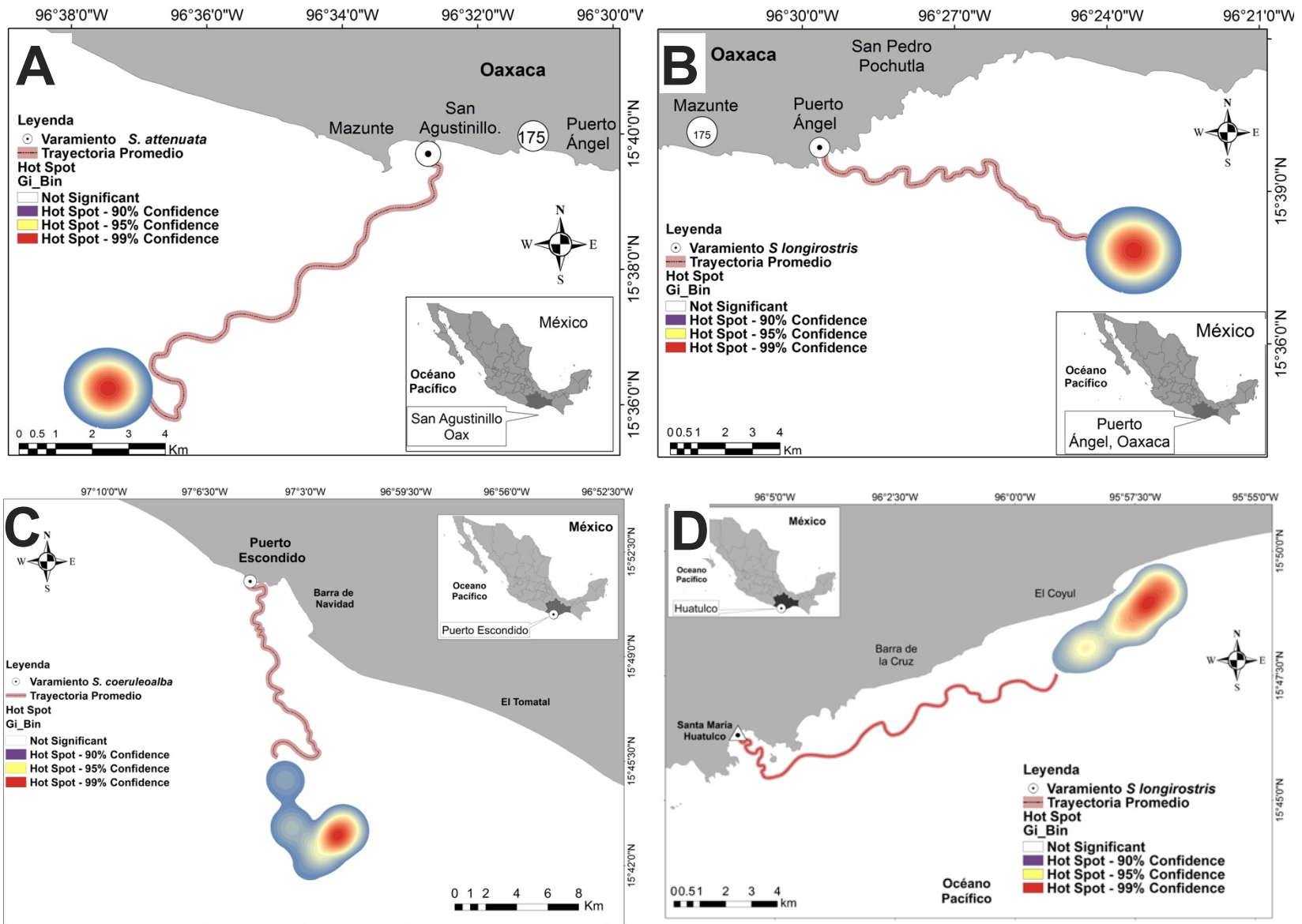


Figura 11. Estimación probable área de origen varamientos CCO. **A.** *Stenella attenuata* (30/04/17), **B** *Stenella longirostris* (21/01/19), **C** *Stenella coeruleoalba* (18/08/18), **D** *Stenella longirostris* (28/08/18)

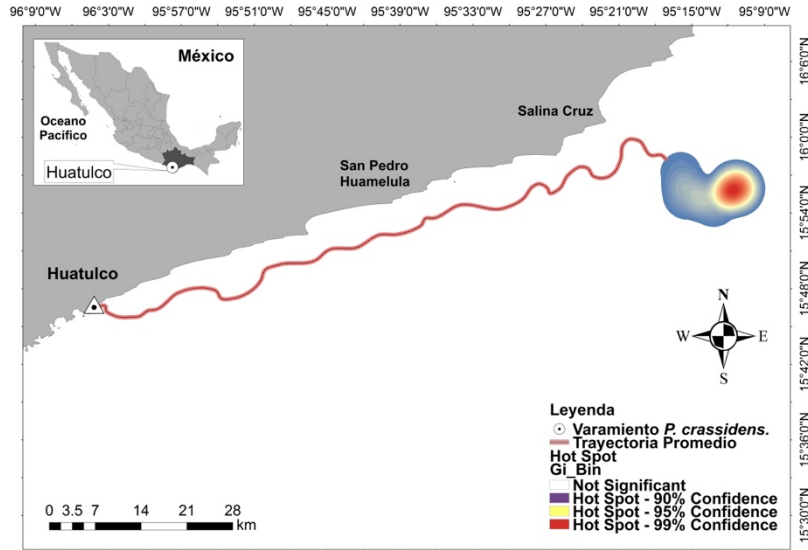


Figura 12. Estimación probable área de origen varamientos CCO. *Pseudorca crassidens* (15/04/2018)

Yucatán

El siguiente grupo de simulaciones corresponden a siete varamientos de la especie *Tursiops truncatus* en Yucatán. Los análisis de los varamientos de la especie *Tursiops truncatus* para Yucatán se pueden agrupar en dos clases de acuerdo a su temporalidad y lugar de origen. El primer grupo comprende las figuras 13 A y 13 C, caracterizadas por presentar trayectos más largos y tendencias unidireccionales, proviniendo estos desde el oriente, características que pueden atribuirse a la acción en conjunto de las corrientes y el viento presente en la época del año. Un segundo grupo Figuras 13 B, 13 D, 14 A, 14 B y 14 C son varamientos que se presentaron en los primeros meses de 2016 los cuales provienen de una región contigua a Sisal. En su mayoría son del mes de febrero, las descripciones de los varamientos consignadas en las necropsias dictaminaron que los individuos presentaban marcas por interacción antrópica como redes de pesca y cortes limpios de aleta dorsal. Aunado a lo anterior, se destacó esta fecha por presentar alta afluencia de varamientos.

La Figura 13 A corresponde a la simulación de una hembra de *Tursiops truncatus* denominada en la sección anterior como YUC 02 varada el 22 de junio de 2016, en la playa Mina de Oro, Dzilam Bravo, Yucatán. Esta hembra presentó marcas asociadas a interacciones humanas. Se destacó este como el recorrido más largo para la península

de Yucatán, iniciando en una región cercana a la Isla Contoy partiendo en dirección noreste por aproximadamente cuatro kilómetros, sin embargo, la dirección de la trayectoria cambia para tornarse unidireccional, manteniéndose paralela a la costa durante la mayor parte del recorrido. Hacia la parte final del trayecto presenta un número considerable de meandros, siendo perpendicular en la zona cercana a Dzilam de Bravo hasta su destino en playa. Las coordenadas de la probable área de origen estimadas con el modelo son 21°36'00"N, 86°33'30"W. La distancia que fue recorrida por el cuerpo es de aproximadamente 240 km en línea recta desde su probable origen hasta su destino en playa.

La figura 13 B corresponde a la simulación del recorrido descrito por el cuerpo de un macho de *Tursiops truncatus*, denominado YC 09 en la sección anterior varado el 07 de junio de 2016, en el Municipio de Hunucmá específicamente en Sisal. La necropsia reportó marcas de enmallamiento en el organismo muerto. La distancia que fue recorrida por el cuerpo es de aproximadamente 15 km en línea recta desde su probable origen hasta su destino en playa. Es de resaltar que dicha área es compartida por cuatro varamientos más en Yucatán (Figuras 14 D, 15 A, 15 B y 15 C), de las cuales 14D y 15A corresponde a YUC 05 y YUC 010 respectivamente, según la nomenclatura implementada en la anterior sección. Las coordenadas de la probable área de origen son 21°20'00"N, 90°18'00"W. El cuerpo se desplazó hacia el sureste. La trayectoria que presentó el organismo a la deriva fue unidireccional, presentando cinco meandros pronunciados a lo largo de su recorrido, para posteriormente presentar una tendencia casi recta hacia el final de este.

La figura 13 C corresponde a la simulación que describe el recorrido de un individuo varado el 20 de febrero de 2016 en Progreso, Yucatán denominado YUC 04 en la sección anterior, el cual presentó un alto grado de descomposición y dislocación de la vértebra caudal. Este a su vez, fue el segundo recorrido más largo presentado por un varamiento en Yucatán. Las coordenadas de la probable área de origen son 21°40'00"N, 88°20'00"W, el recorrido descrito por el espécimen fue de aproximadamente 89 km en línea recta desde su probable área de origen. Gran parte de la trayectoria transcurre paralela al continente, con escasos meandros, posteriormente se torna diagonal a falta de 12 km para llegar al destino. La dirección del desplazamiento fue hacia el oeste.

La figura 13 D corresponde a la simulación de una hembra de *Tursiops truncatus* denominada en la sección anterior como YUC 05 varada el 31 de mayo de 2016, en Chuburná Puerto, el organismo se caracterizó por ser una hembra lactante que presentaba un orificio de 3 cm de diámetro en la zona ventral. La zona de origen la cual es compartida por otros cuatro varamientos es cercana al centro urbano Sisal. La distancia que fue recorrida por el cuerpo es de aproximadamente 8 kilómetros en línea recta desde su probable origen hasta su destino en playa. El recorrido parte hacia nororiente. Sin embargo, cambia de manera abrupta su ruta tornándose hacia la costa con dirección hacia el sur siendo unidireccional en su mayor parte. Las coordenadas de la probable área de origen estimadas con el modelo son 21°15'00"N, 90°01'00"W.

La figura 14 A corresponde a la simulación realizada para una hembra de *Tursiops truncatus* denominada como YUC 010 en la sección anterior, esta gráfica describe el recorrido del cuerpo de una hembra con restos de placenta, que presentó secreción de leche en las glándulas mamarias y un corte limpio de un lóbulo en la aleta dorsal fenómeno que puede relacionarse con enmallamiento e interacción humana. La probable área de origen es compartida por otros cuatro varamientos independientes analizados y descritos anteriormente. La trayectoria presentó meandros amplios y marcados en la sección inicial del recorrido, en la parte media tiende a ser unidireccional y al final se destaca por solo presentar dos meandros que no alteran la dirección manteniéndose hacia el sur varando en la costa poniente de Sisal. Las coordenadas de la probable área de origen estimadas con el modelo son 21°16'00"N, 90°00'00"W.

La figura 14 B y 14 C corresponden a simulaciones de varamientos de *Tursiops truncatus* del cinco y siete de febrero de 2016 (YC11, YC012) respectivamente. Las coordenadas de las probables áreas de origen para el primer varamiento son 21°20'00"N, 90°10'00"W y para el segundo 21°18'00"N, 90°08'00"W. Ambos cuerpos se desplazaron hacia el este. El recorrido descrito por el primer espécimen fue de aproximadamente 48 kilómetros, siendo el segundo más extenso por dos km. Se destacó de estos dos registros el mismo destino en playa, siendo la localidad Progreso en Yucatán donde se presentaron los varamientos. Cabe resaltar, que el segundo varamiento se presentó dos días después del primero.

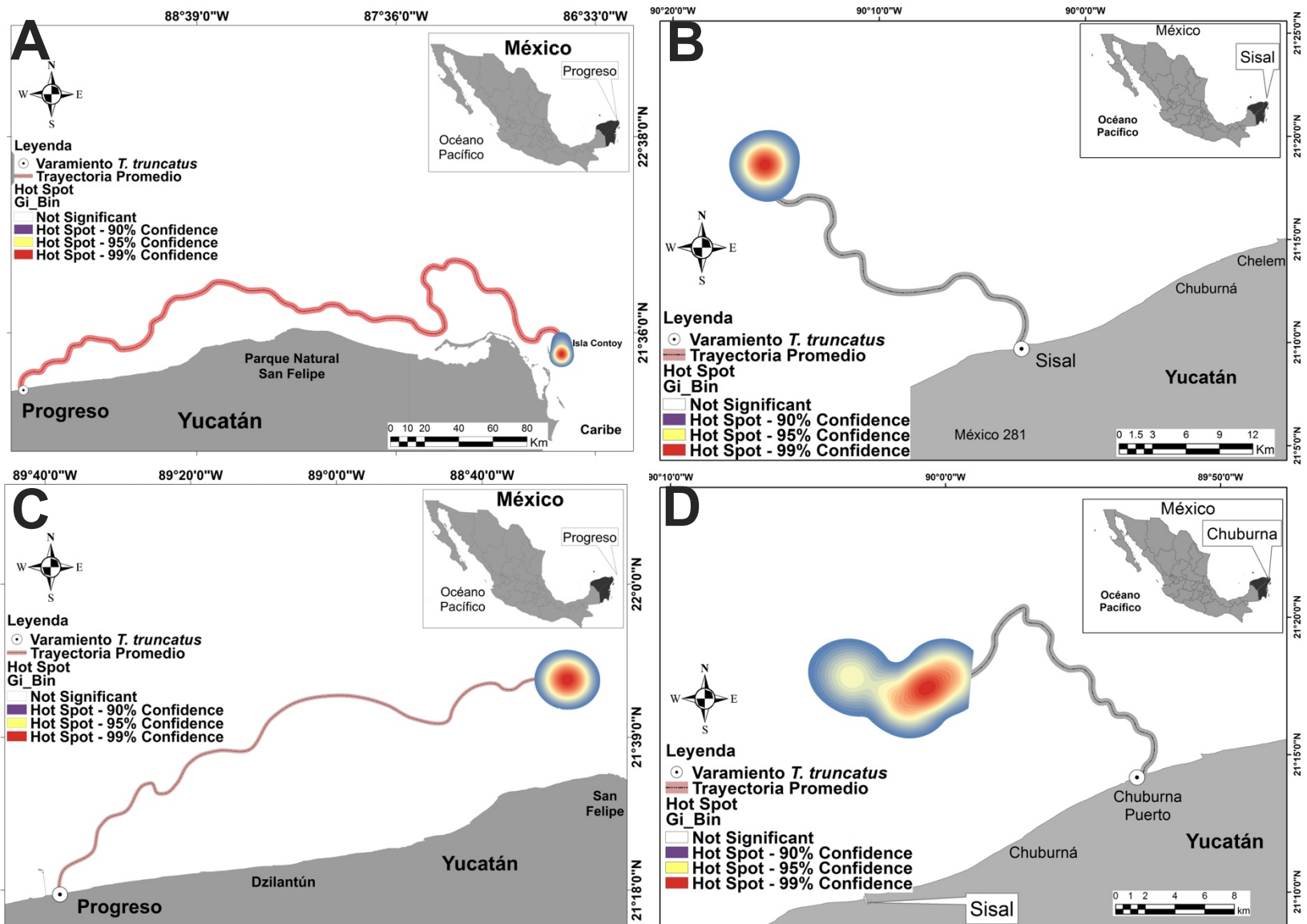


Figura 13. Estimación probable área de origen varamientos Yucatán. A. *Tursiops truncatus* (22/06/16), B *Tursiops truncatus* (07/02/16), C *Tursiops truncatus* (20/02/16), D *Tursiops truncatus* (31/05/16)

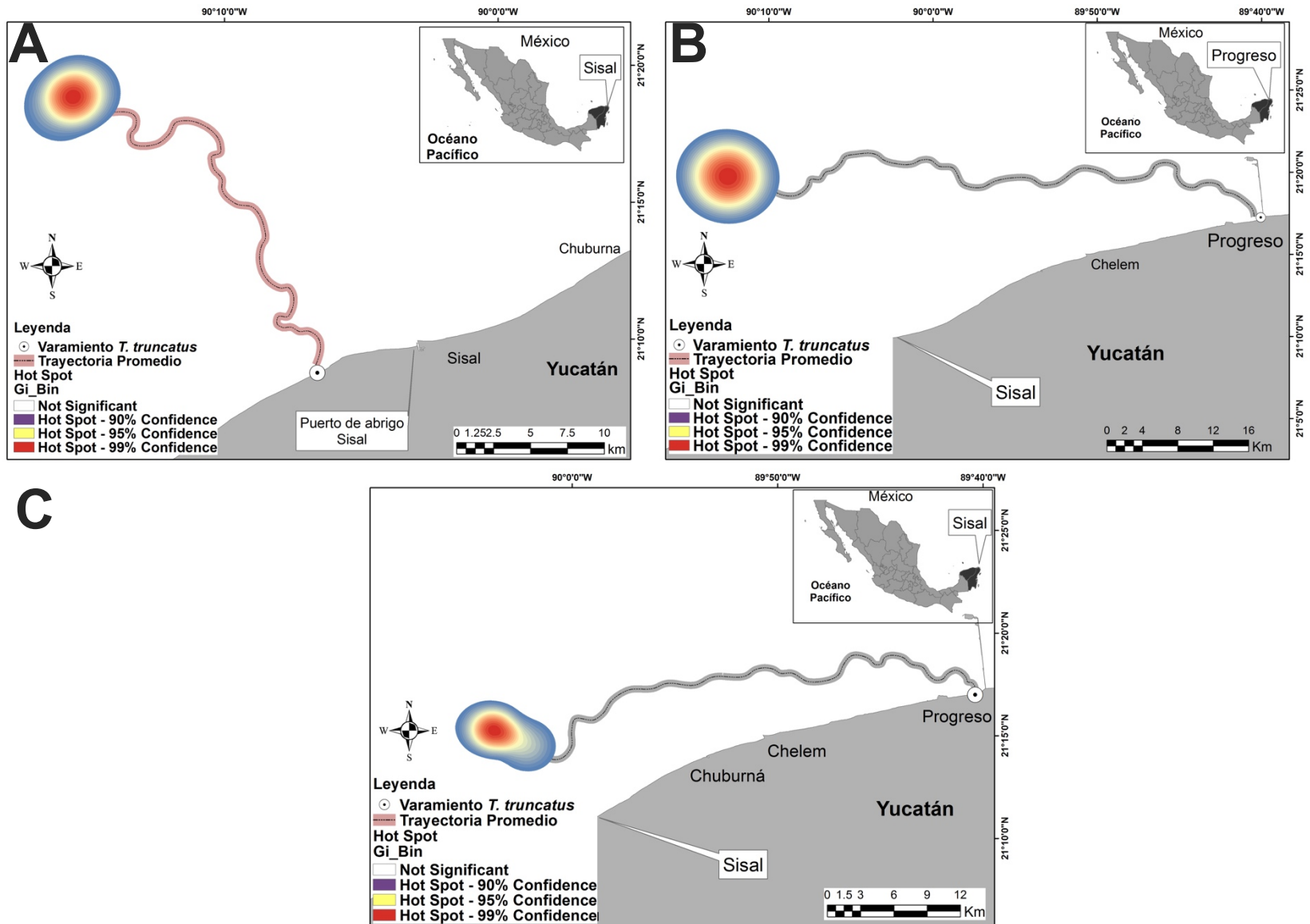


Figura 14. Estimación probable área de origen varamientos Yucatán. **A.** *Tursiops truncatus* (06/02/16), **B** *Tursiops truncatus* (05/02/16), **C** *Tursiops truncatus* (07/02/16).

Arctocephalus galapagoensis

La figura 15 A corresponde a la simulación realizada para un lobo fino de las Galápagos *Arctocephalus galapagoensis* varado vivo en El Coyul CCO el 15 de mayo de 2019. Este organismo contó con análisis genético para lo cual fue denominado UM71 Oaxaca en la sección anterior. La trayectoria descrita por el cuerpo, parte de un área cercana al archipiélago de las Galápagos, situada al norte de dicha región. Las coordenadas de la probable área de origen estimadas con el modelo son 00°10'00"N, 92°00'00"W. El recorrido es sumamente extenso abarcando más de 1600 km en línea recta desde su probable área de origen hasta el varamiento. La parte media del recorrido es levemente sinuosa y retorna a ser unidireccional en el último tramo cuando se aproxima a la costa. El organismo se desplazó hacia el norte desde su probable área de origen.

La figura 15 B corresponde a la simulación de la trayectoria descrita por un individuo *Arctocephalus galapagoensis* (UM070) varado en la playa Bajadero en San Benito, Puerto Madero el 18 de mayo de 2019. Las coordenadas de la probable área de origen estimadas con el modelo son 00°10'10"N, 92°01'10"W. Dicha zona se sitúa al norte del Archipiélago de las Galápagos, el recorrido descrito por el organismo es similar al de la figura 16 A, dirigiéndose al norte siendo unidireccional en su primera parte tornándose meándrico a la altura de Panamá y acercándose al continente en la última parte del trayecto el recorrido se hace perpendicular hacia el estado de Chiapas diferenciándose drásticamente de la figura 16 A. La distancia recorrida por el organismo en línea recta fue de 1600 km.

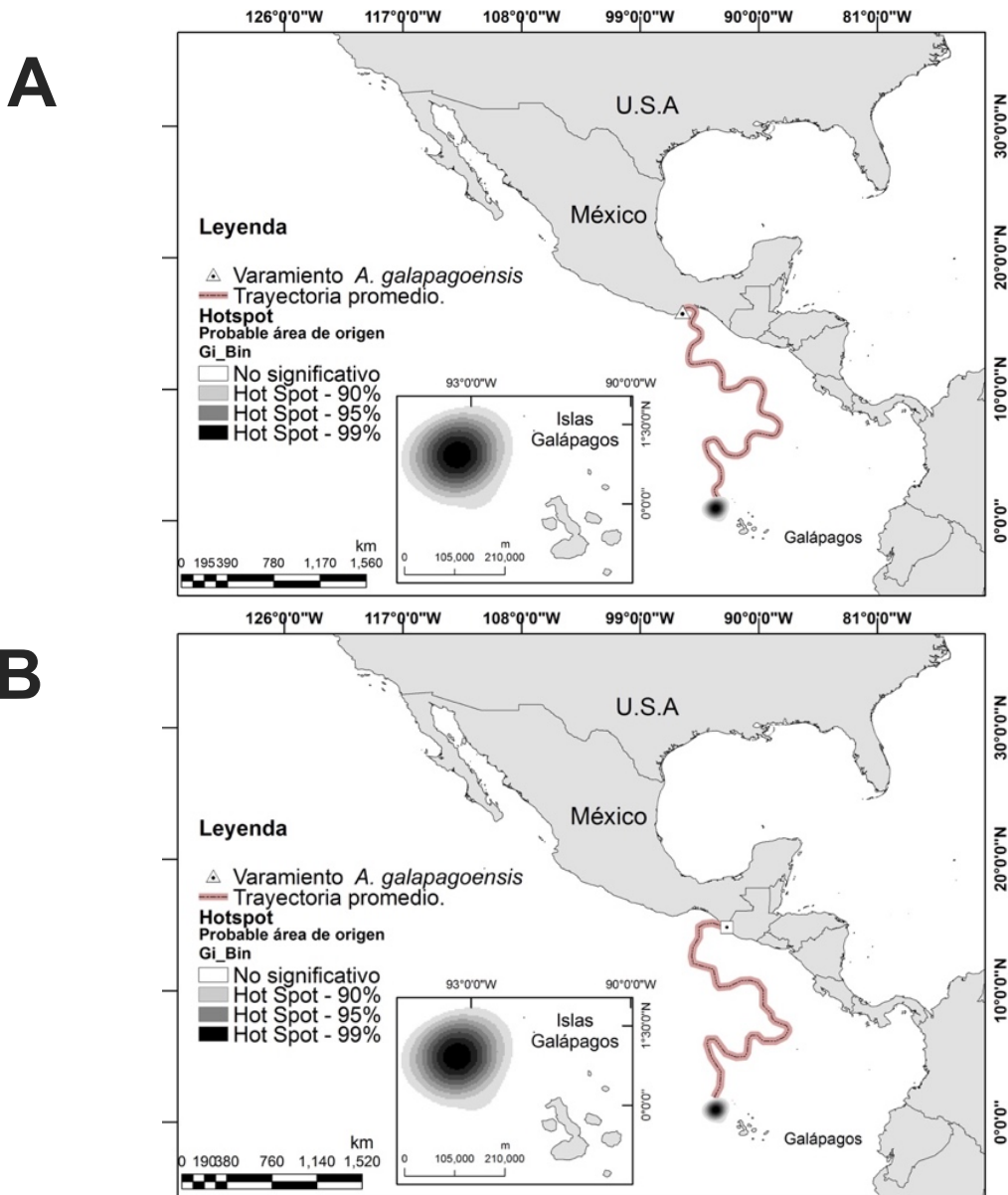


Figura 15. Estimación probable área de origen varamientos. **A.** *Arctocephalus galapagoensis* (15/05/19), **B** *Arctocephalus galapagoensis* (05/02/16).

Campeche

Los varamientos analizados de Campeche que corresponden a la figura 16. Describen el mismo fenómeno de advección de un cuerpo a través del tiempo. La figura 16 A corresponde a la simulación del trayecto seguido por un *Tursiops truncatus* (CA 22) que presentó un varamiento del 04 de mayo de 2014 en la playa Norte en la isla del Carmen Campeche, la probable área de origen es una zona oceánica. Las coordenadas de dicha

zona son 15°38'00"N, 96°23'55"W. El segundo varamiento (figura 16 B) se diferencia drásticamente ya que su probable área de origen es cercana a un centro urbano Ciudad de Campeche. Esta simulación corresponde un varamiento (CA 21) del 11 de octubre de 2014. Las coordenadas del área probable de origen son 20°00'00"N, 91°00'00"W, el recorrido descrito por el espécimen fue de aproximadamente 80 km. La trayectoria descrita tuvo tendencia unidireccional, con escasos meandros.

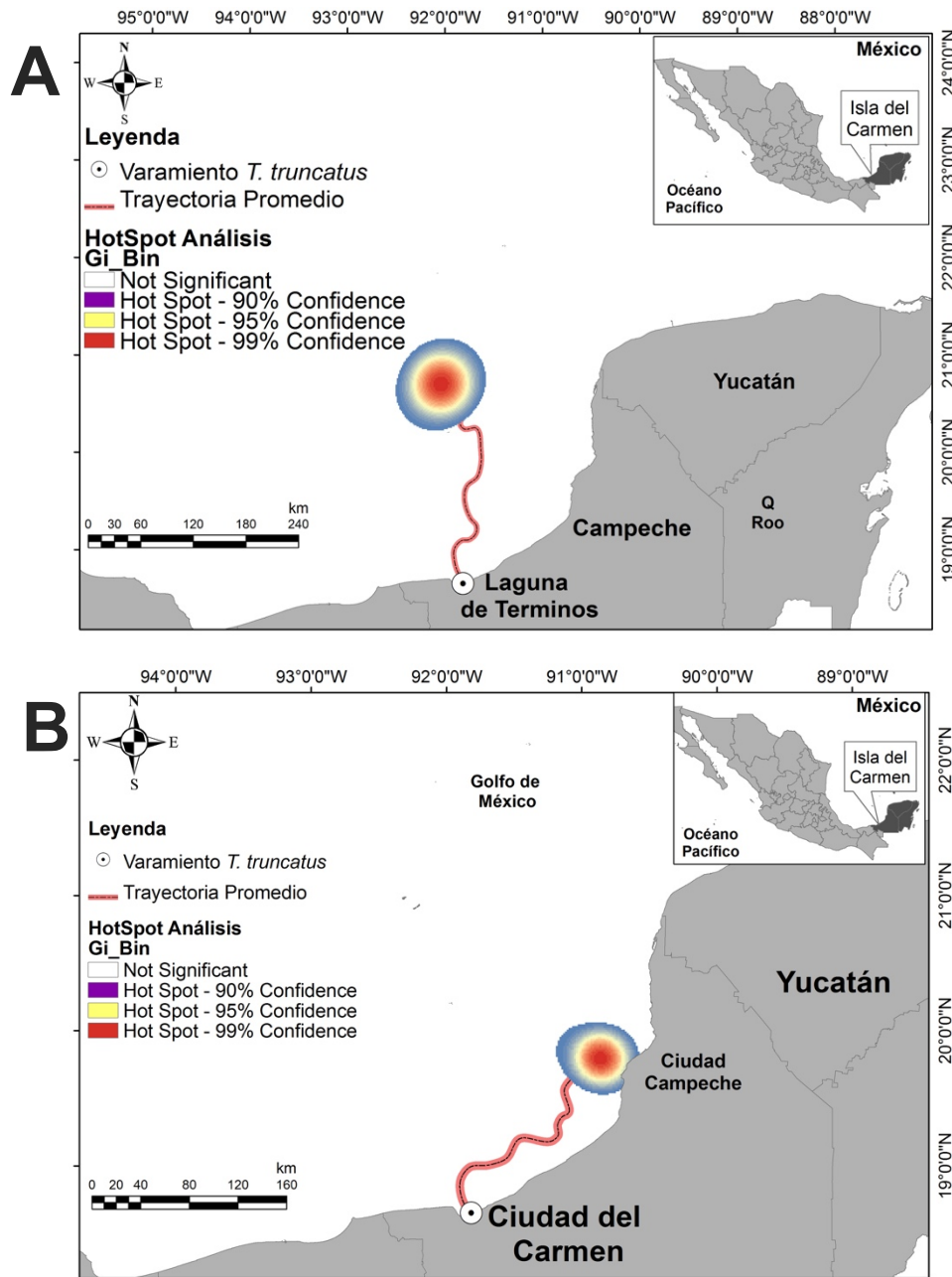


Figura 16. Estimación probable área de origen varamientos Campeche. **A.** *Tursiops truncatus* (04/05/14), **B** *Tursiops truncatus* (11/10/14)

8 Discusión

Con el fin de entablar una mejor discusión en primera instancia son analizados cada uno de los casos de estudio que contaron con modelación de cuerpos a la deriva y análisis genético. Posteriormente, se realiza un análisis global de los varamientos que contaron exclusivamente con modelación de cuerpo a la deriva.

***Stenella attenuata* S attOaxaca**

El análisis genético y numérico concordaron en establecer el origen del individuo a regiones cercanas de donde se presentó el varamiento. Cabe destacar que la evaluación genética no permite realizar una asignación a escala fina, pese a que la especie presenta estructura poblacional (Leslie *et al.* 2016), esta es baja entre los grupos costeros mexicanos y Centroamericanos. Mas aún es nula entre los mismos grupos costeros mexicanos y oceánicos. Sumado a lo anterior, procesos como alelos compartidos y un flujo genético ininterrumpido o reciente (Escorza–Treviño *et al.* 2005) dificultan la lectura de una señal en los arboles filogenéticos que permita discriminar grupos poblacionales. La barrera propuesta a los 5°N de la distribución (Perrin *et al.* 1994) no se evidencia en el presente análisis debido a la cercanía que presenta el haplotipo del individuo con haplotipos de Ecuador. De igual manera, este tipo de trabajos requiere un mayor número de información para evaluar diferenciación a escalas reducidas (Leslie *et al.* 2016)

De acuerdo con las simulaciones numéricas, el probable punto de origen es a 15 kilómetros lineales en dirección perpendicular de la playa, distancia que fue recorrida en ~48 horas. Es de resaltar las condiciones en que fue hallado el individuo, con un corte limpio de la aleta dorsal del cual se puede inferir una probable interacción antropogénica y su relación con una de las principales actividades económicas de la región donde se halló el varamiento que es la pesca artesanal e industrial, esta puede ser una explicación plausible para dicho varamiento. En conjunto las dos técnicas brindan información concordante que permite realizar una aproximación sobre el origen del varamiento. La simulación numérica por su parte permite establecer dicho origen de una manera mas certera espacialmente. A su vez la genética brinda un soporte a dicho hallazgo

***Stenella longirostris* S lon Oaxaca.**

Los análisis genéticos y las simulaciones concordaron en determinar el origen del individuo varado a regiones próximas al varamiento. Es de resaltar que, aunque la asignación poblacional se hace a una escala espacial de gran tamaño debido a la falta de diferenciación genética entre poblaciones que habitan el POT (Dizon *et al.* 1994, Galver 2002), el análisis permite establecer cercanía con la distribución propuesta para los morfotipos que habitan la región (Perrin *et al.* 1985; Perriman & Westlake 1998). La diferenciación con regiones del Pacífico occidental y Hawái es clara y permiten discriminar la población a la que perteneció el individuo. Incluso el haplotipo es cercano a morfotipos de Tres Marías y del pacífico oriental.

La probable región de origen del ejemplar hallado en el muelle de Puerto Ángel 21 de enero de 2019 se determinó a ~22 kilómetros lineales en dirección perpendicular a la bahía de Puerto Ángel, Oaxaca. El tiempo en que el cuerpo realizó el recorrido fue ~52 horas. Cabe destacar, que el análisis en conjunto de las dos técnicas implementadas nos permite inferir una probable asociación del individuo de estudio a grupos oceánicos (Leslie & Morin 2016). La distancia recorrida en conjunto con el número de días a la deriva los cuales se correlacionan con su estado de descomposición son características de las cuales se deduce un mayor desplazamiento hasta la zona de varamiento.

Se hace llamativo que el caso de estudio presente un haplotipo que está asociado a grupos oceánicos, mexicanos y costarricenses, puesto que la zona se ha declarado como una región de contacto entre diferentes grupos regionales (Leslie *et al.* 2019), más específicamente la región es el parteaguas entre estos grupos características como la angosta plataforma continental frente a la zona puede dar lugar a la presencia de individuos oceánicos.

Tursiops truncatus

La asociación resultante de los varamientos A y C (YUC 02, YUC 04) con haplotipos del norte del Golfo de México permitió mediante los análisis de ADN mitocondrial previos agruparlos con poblaciones de Cuba, Colombia y Bahamas. Si es contrastado esto con la información obtenida en la modelación de cuerpos a la deriva en la cual los organismos recorrieron grandes distancias muertos, incluso proviniendo de otro estado, podemos inferir que el recorrido de los varamientos en el mar puede estar enmascarando un proceso de estructura poblacional más fino. Adjudicando erróneamente el origen a organismos varados, fenómeno demostrado anteriormente con mamíferos marinos (Bilgman *et al.* 2011).

El haplotipo de YUC 04 individuo que recorrió una distancia mayor a los 80 km es compartido por organismos de Cuba, Colombia y Puerto Rico, diferenciándose de los varamientos YUC 05, YUC 09, YUC 010 que presentaron haplotipos exclusivamente mexicanos, varamientos que no presentaron recorridos mayores a los 12 km. El árbol filogenético muestra una mayor asociación de YUC 04 con YUC 09 y YUC 02 lo cual es coherente con la estructuración hallada por Caballero *et al.* (2011) y puede ser una explicación igualmente plausible para la diferenciación hallada. Estas diferencias pueden ser atribuidas al tipo de herencia que presenta cada uno de los marcadores, el marcador mitocondrial a diferencia de los marcadores nucleares nos brinda información de la línea materna. Estos en conjunto nos pueden ayudar a discriminar procesos de migración diferencial en cuanto a sexos (Caballero *et al.* 2012).

De igual manera se destaca en los resultados obtenidos para la península de Yucatán que cinco de estos varamientos, las figuras (13 B, D, 14 A, B, C) provienen de una región contigua a Sisal no mayor a 7 km², en su mayoría son del mes de febrero y se caracterizan por la presencia de marcas producto de interacción antrópica. Esto nos permitió inferir una problemática asociada a un área geográfica donde la pesca es una actividad económica importante (Pedroza 2013), derivando de esta forma en la intensificación de las interacciones antropogénicas y muerte de los organismos por el uso de artes de pesca o como carnada (Delgado-Estrella 1997, Ortega-Argueta *et al.* 2005). Esta problemática puede hacerse visible gracias a la incidencia de los vientos denominados Nortes en la región (Soler-Bientz *et al.* 2010), fenómeno evidenciado en el

presente trabajo, durante este proceso atmosférico se presentó un aumento en los registros de varamientos de la zona según las descripciones de las necropsias de los individuos. En ausencia de los vientos mencionados las partículas tienden a ir mar adentro (<https://earth.nullschool.net/>), lo cual nos llevó a inferir que en ausencia de este fenómeno atmosférico las muertes de individuos por actividades pesqueras no lleguen a ser registradas como varamientos, puesto que, bajo otro régimen meteorológico los cuerpos de los organismos muertos se desplazan mar adentro para posteriormente sumergirse. Los haplotipos de estos individuos son exclusivamente mexicanos y se relacionan con haplotipos costeros.

Aunado a lo anterior, es de resaltar la alta potencialidad de la península de Yucatán y en sí del Golfo de México para realizar investigaciones sobre el origen de varamientos, debido a que presenta la información oceanográfica más robusta y detallada a nivel mundial. Lo cual abre puertas a nuevos tipos de investigación como zonas recurrentes de muerte de mamíferos marinos y fenómenos que estén enmascarando los análisis anteriores (Weller *et al.* 1997), ya que varamientos que son adjudicados a un lugar pueden no estar relacionados a la zona o región de varamiento. Esta asignación errónea puede ser explicada por un proceso de advección extenso en el cual el organismo provenga de una región distante y al clasificarlo como si proviniese de la región cercana al varamiento diluya así una estructura poblacional o cambie el área de distribución (Bilgmann *et al.* 2011).

Un análisis espacio-temporal de los varamientos de la península Yucatán en general brindaría condiciones ideales para un trabajo de mayor alcance debido a tres factores: el primero es la descripción detallada de cada uno de los varamientos; el segundo factor es el tipo de información oceanográfica disponible para el lugar puesto que es la más completa a nivel mundial, esto podría resultar en análisis más robustos y certeros. Por último, las necropsias realizadas a los organismos varados permitirían hacer una descripción más acertada y detallada del lugar de origen y causas de muerte de los diferentes mamíferos marinos.

Arctocephalus galapagoensis

El análisis en conjunto de las dos técnicas permitió hacer frente a problemáticas particulares de estos varamientos como identificación de especie y origen de los organismos. Una de las interrogantes asociadas a la identificación de individuos varados es la falta de caracteres evidentes en crías y juveniles que permitan hacer una asignación a nivel de especie, puesto que dichos caracteres de identificación en varias especies de pinnípedos se consolidan en etapas adultas (Vincent & Ridoux 2001). Por lo que en estos casos se requiere de la confirmación genética. Es de resaltar que, aunque hay un registro mas al norte de la especie (Aureoles-Gamboa *et al.* 2004) este es el primer avistamiento de esta para el estado de Oaxaca, Mas aún es un registro anómalo muy distante de la zona de distribución de la especie (Reeves *et al.* 1992), teniendo en cuenta que esta esta restringida al archipiélago de las Galápagos.

El árbol filogenético permitió la identificación de esta cría como un lobo fino de las Islas Galápagos. El probable punto de origen del individuo juvenil que varo vivo en El Coyul, Oaxaca, se determinó a 1600 kilómetros lineales de la zona de varamiento, en una región al norte del archipiélago de las Galápagos, trayecto que fue recorrido en 21 días. Los dos análisis empleados fueron concordantes en adjudicar el origen a la distribución habitual de la especie. Este varamiento anómalo parece estar relacionado con el año niño, fenómeno que ha sido descrito anteriormente para la especie (Capella *et al.* 2002; Aureoles-Gamboa *et al.* 2004). El organismo pudo estar sometido a la deriva debido a una suma de condiciones, la primera de estas, la escases de alimento debido a un evento de ENSO en su fase cálida (EL NIÑO) presente en la época y el incremento en la fuerza de la Contracorriente Nor-ecuatorial atribuido a este mismo proceso atmosférico-oceanográfico, los cuales en conjunto pudieron configurar el destino y trayectoria del organismo analizado

La intensificación de la Contracorriente Nor-ecuatorial durante El Niño ha sido un fenómeno ampliamente datado (Delcroix *et al.* 1992; Johnson *et al.* 2002; Hsin & Qiu 2012), proceso que coincide y puede ser detallado en la trayectoria seguida por los individuos en el recorrido descrito desde su origen hasta el destino en playa. Procesos de transporte de organismo larvarios han sido descritos anteriormente para la Contracorriente Nor-ecuatorial, inclusive procedentes de zonas al norte de las Galápagos

hasta las bahías de Huatulco, México región cercana a donde se presentaron los varamientos (Lequeux *et al.* 2018).

Los dos tipos de análisis propuestos en la presente investigación actuaron en concordancia y brindaron explicaciones certeras a los interrogantes sobre los orígenes de los mamíferos marinos varados. Estos actúan de manera complementaria, puesto que en algunos casos la información genética disponible no permite discriminar a escalas finas las poblaciones de origen de los organismos. Sin embargo, si se evalúa de manera sincrónica con las simulaciones numéricas ambas herramientas permiten establecer con mayor certidumbre orígenes de individuos varados y evitar erróneas asignaciones de poblaciones.

9 Conclusión

- a. La confirmación genética de *A. galapagoensis* logró validar el modelo de advección desarrollado en la presente investigación
- b. La implementación del viento en el modelo fue acertada con el fin de hacer más realista el proceso de advección
- c. Las técnicas de fotogrametría implementadas permitieron establecer de manera más precisa la incidencia del viento sobre el cuerpo de un mamífero marino.
- d. Los varamientos acaecidos en la primera parte del año de 2016 en Yucatán pueden estar expresando una problemática de interacciones antrópicas en la región, gracias a la confluencia de fenómenos oceanográficos y la presencia de Nortes en dicha época. Dicha problemática puede estar enmascarada debido al cambio de los procesos meteorológicos presentes a lo largo de los otros meses del año en Yucatán.
- e. Mediante este tipo de análisis se puede comprender como fenómenos climáticos (e.g El Niño) y su incidencia en procesos oceanográficos como movimientos de masas de agua y cambios en las zonas habituales de alimentación pueden en conjunto dar lugar a varamientos en regiones distantes. Por lo tanto, estimar la zona de origen permite realizar inferencias sobre problemáticas asociadas a poblaciones de mamíferos marinos, así como la identificación de problemáticas a escala regional como redes de pesca, tráfico marítimo, derrames de petróleo, pesca incidental que lleven a los individuos a la muerte.

10 Referencias

- Aguilar-Aguilar, R., & Contreras-Medina, R. (2001). La distribución de los mamíferos marinos de México: un enfoque panbiogeográfico. En J. Llorente y J. Monrroe (Ed.), *Introducción a la biogeografía en Latinoamérica: teorías, conceptos, métodos y aplicaciones* (pp.197-211).
- Allain, G., Petitgas, P., Lazure, P., & Grellier, P. (2007). Biophysical modelling of larval drift, growth & survival for the prediction of anchovy (*Engraulis encrasicolus*) recruitment in the Bay of Biscay (NE Atlantic). *Fisheries oceanography*, 16(6), 489-505. <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1365-2419.2007.00443.x>
- Allendorf, Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). *Conservation and the genetics of populations*. Wiley-Blackwell.Blackwell Publishing.
- Andrews, K. R., Karczmarski, L., Au, W. W., Rickards, S. H., Vanderlip, C. A., Bowen, B. W., Grau, E. G., & Toonen, R. J. (2010). Rolling stones and stable homes: social structure, habitat diversity and population genetics of the Hawaiian spinner dolphin (*Stenella longirostris*). *Molecular Ecology*, 19(4), 732-748. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2010.04521.x>
- Asseburg, C., Harwood, J., Matthiopoulos, J., & Smout, S.C. (2006). The functional response of generalist predators, and their implications for the monitoring of marine ecosystems. En Boyd, I.L., Wanless, S., & Camphusyen C.J (Eds.), *Top predators in marine ecosystems: their role in monitoring and management*. (pp 262-274) Cambridge University Press.
- Aurioles-Gamboa, D. 2009. Mamíferos marinos. In: Ramírez Pulido, J. (Ed.). *Cosmos Enciclopedia de las Ciencias y Tecnología de México*. Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, Universidad Autónoma Metropolitana, Instituto de Ciencia y Tecnología del Distrito Federal. pp. 241-262.
- Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl., (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular biology & evolution* 16 (1): 37-48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
- Berta, A., Sumich, J.L., & Kovacs, K. M. (2005). *Marine mammals: evolutionary biology*. Elsevier.
- Bigg, G. R., Wadley, M. R., Stevens, D. P., & Johnson, J. A. (1996). Prediction of iceberg trajectories for the North Atlantic and Arctic Oceans. *Geophysical Research Letters*, 23(24), 3587-3590. <https://doi.org/10.1029/96GL03369>

- Bilgmann, K., Griffiths, O. J., Allen, S. J., & Möller, L. M. (2007). A biopsy pole system for bow-riding dolphins: sampling success, behavioral responses, and test for sampling bias. *Marine Mammal Science*, 23(1), 218-225. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.2006.00099.x>
- Bilgmann, K., Möller, L. M., Harcourt, R. G., Kemper, C. M., & Beheregaray, L. B. (2011). The use of carcasses for the analysis of cetacean population genetic structure: a comparative study in two dolphin species. *PLoS One*, 6(5), <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020103>
- Burns, J. H. R., Delparte, D., Gates, R. D., & Takabayashi, M. (2015). Integrating structure-from-motion photogrammetry with geospatial software as a novel technique for quantifying 3D ecological characteristics of coral reefs. *PeerJ*, 3, e1077. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26207190/>
- Caballero, S., Islas-Villanueva, V., Tezanos-Pinto, G., Duchene, S., Delgado-Estrella, A., Sanchez-Okrucky, R., & Mignucci-Giannoni, A. A. (2011). Phylogeography, genetic diversity and population structure of common bottlenose dolphins in the Wider Caribbean inferred from analyses of mitochondrial DNA control region sequences and microsatellite loci: conservation and management implications. *Animal Conservation*, 15(1), 95-112. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1795.2011.00493.x>.
- Ceballos, G., J. Arroyo-Cabrales, R. Medellín, I. Medrano-Gonzales & O. Gissele. (2005). Diversidad y Conservación de los Mamíferos Marinos en México. In: Ceballos G. & O. Gissele (Eds.), Los mamíferos silvestres de México., D.F. FCE- CONABIO. pp. 41-66.
- Chassignet, E. P., Hurlburt, H. E., Smedstad, O. M., Halliwell, G. R., Hogan, P. J., Wallcraft, A. J., Baraille, I., & Bleck, R. (2007). The HYCOM (HYbrid Coordinate Ocean Model) data assimilative system. *Journal of Marine Systems*, 65(1-4), 60-83. <https://doi.org/10.1016/j.jmarsys.2005.09.016>
- Crepon, M., Houssais, M. N., & Guily, B. S. (1988). The drift of icebergs under wind action. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 93(C4), 3608-3612. <https://doi.org/10.1029/JC093iC04p03608>
- Dalebout, M. L., Robertson, K. M., Frantzis, A., Engelhaupt, D., Mignucci-Giannoni, A. A., Rosario-Delestre, R. J., & Baker, C. S. (2005). Worldwide structure of mtDNA diversity among Cuvier's beaked whales (*Ziphius cavirostris*): implications for threatened populations. *Molecular Ecology*, 14(11), 3353-3371. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02676.x>

- Delcroix, T., Eldin, G., Radenac, M. H., Toole, J., & Firing, E. (1992). Variation of the western equatorial Pacific Ocean, 1986–1988. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 97(C4), 5423-5445. <https://doi.org/10.1029/92JC00127>
- Delgado-Estrella, A. (1997). Relación de las toninas, *Tursiops truncatus*, y las toninas moteadas, *Stenella frontalis*, con la actividad camaronera en la Sonda de Campeche, México. *Anales del Instituto de Biología. Serie Zoología*, 68(2), 317-338. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=458/45868209>
- Delgado-Estrella, A. (1996). Ecología poblacional de las toninas *Tursiops truncatus*, en la laguna de Yalahau, Quintana Roo, México. *Maestro en Ciencias (Biología). Facultad de Ciencias UNAM. México, DF.*
- Delgado Estrella, A., López-Hernandez, I., & Vazques Maldonado, L. E. (1998). Registro de varamientos en las costa sureste del Golfo de México (estados de Veracruz, Tabasco, Campeche y Quintana Roo)[Registration strandings on the southeast coast of the Gulf of Mexico (states of Veracruz, Tabasco, Campeche, and Quintana Roo)]. *XXIII Reunión Internacional para el Estudio de los Mamíferos Marinos, Xcarat, Quintana Roo, México.*
- Díaz-Gamboa R.E. (2004). Diferenciación entre tursiones *Tursiops truncatus costeros y oceánicos en el Golfo de California por medio de isótopos estables de carbono y nitrógeno.* (2004). Tesis Doctoral. Instituto Politécnico Nacional. Centro Interdisciplinario de Ciencias Marinas.
- Dizon, A. E., Perrin, W. F., & Akin, P. A. (1994). Stocks of dolphins (*Stenella spp.* and *Delphinus delphis*) in the eastern tropical Pacific: a phylogeographic classification. NOAA/National Marine Fisheries Service, (NOAA Technical Report NMFS,119). <http://aquaticcommons.org/id/eprint/2696>
- Dizon, A. E., Chivers, S. J., & Perrin, W. F. (Eds.). (1997). *Molecular Genetics of Marine Mammals: Incorporating the Proceedings of a Workshop on the Analysis of Genetic Data to Address Problems of Stock Identity as Related to Management of Marine Mammals* (Vol. 3). Society for Marine Mammalogy.
- Ebbesmeyer, C. C., & Haglund, W. D. (1994). Drift trajectories of a floating human body simulated in a hydraulic model of puget sound. *Journal of forensic science*, 39(1), 231-240. <https://doi.org/10.1520/JFS13590J>.
- Elorriaga-Verplancken, F. R., Tobar-Hurtado, S., Medina-López, M. A., de la Cruz, D. B., & Urbán, J. R. (2015). Potential morphological contributions to a live stranding:

abnormal snout and *Conchoderma auritum* infestation in a bottlenose dolphin (*Tursiops truncatus*). *Aquatic Mammals*, 41(2), 198. <https://doi.org/10.1578/AM.41.2.2015.198>

Elzinga, C. L., Salzer, D. W., Willoughby, J. W., & Gibbs, J. P. (2009). *Monitoring plant and animal populations: a handbook for field biologists*. John Wiley & Sons.

Enríquez-Andrade, R., Anaya-Reyna, G., Barrera-Guevara, J. C., de los Ángeles Carvajal-Moreno, M., Martínez-Delgado, M. E., Vaca-Rodríguez, J., & Valdés-Casillas, C. (2005). An analysis of critical areas for biodiversity conservation in the Gulf of California region. *Ocean & Coastal Management*, 48(1), 31-50. <https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2004.11.002>

Escorza-Trevino, S., & Dizon, A. E. (2001). Phylogeography, intraspecific structure and sex-biased dispersal of Dall's porpoise, *Phocoenoides dalli*, revealed by mitochondrial and microsatellite DNA analyses. *Molecular Ecology*, 9(8), 1049-1060. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2000.00959.x>

Evans, K., Thresher, R., Warneke, R.M., Bradshaw, C.J.A., Pook, M., Thiele, D., & Hindell, M.A. (2005). Periodic variability in cetacean strandings: links to large-scale climate events. *Biology letters* 1(2): 147-150. <https://doi.org/10.1098/rsbl.2005.0313>

Félix, F., Lento, G., Davis, J., Haase, B., & Chiluiza, D. (2001). El lobo fino de Galápagos *Arctocephalus galapagoensis* (Pinnipedia, Otariidae) en la costa continental de Ecuador, primeros registros confirmados mediante análisis morfológicos y genéticos. *Estudios Oceanográficos*, 20, 63-66.

Fonstad, M. A., Dietrich, J. T., Courville, B. C., Jensen, J. L., & Carbonneau, P. E. (2013). Topographic structure from motion: a new development in photogrammetric measurement. *Earth Surface Processes and Landforms*, 38(4), 421-430. <https://doi.org/10.1002/esp.3366>

Fortuna, C. M., Vallini, C., Filidei, E.J., Ruffino, M., Consalvo, I., Di Muccio, S., Scacco, U., Tarulli, E., Giovanardi, O., & A. Mazzola. (2010). By-catch of cetaceans & other species of conservation concern during pair trawl fishing operations in the Adriatic Sea (Italy). *Chemistry & ecology*, 26(s1): 65-76. <https://doi.org/10.1080/0275754100367662>

Frankham, R., Briscoe, D. A., & Ballou, J. D. (2002). *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University press. <https://books.google.com.mx/books?id=F->

XB8hqZ4s8C&printsec=copyright&hl=es&source=gbs_pub_info_r#v=onepage&q&f=true

Galver, L. M. (2002). *The molecular ecology of spinner dolphins, Stenella longirostris: genetic diversity and population structure*. [Masters thesis, University of California, San Diego]

Giertsen, J.C., Morild, I., (1989). Seafaring bodies. *The american journal of forensic medicine and pathology* 10 (1), 25–27.

González, I. M. (2006). Hacia una dinámica de la mastofauna marina mexicana: análisis de composición funcional y de algunas estructuras genéticas poblacionales. *Genética y mamíferos mexicanos: presente y futuro*, 80 (32): 9-19. https://www.academia.edu/7929122/Hacia_una_din%C3%A1mica_de_la_mastofauna_marina_mexicana_An%C3%A1lisis_de_composici%C3%B3n_funcional_y_de_algunas_estructuras_gen%C3%A9ticas_poblacionales

Glockner-Ferrari, D. A., & Ferrari, M. J. (1990). Reproduction in the humpback whale (*Megaptera novaeangliae*) in Hawaiian waters, 1975–1988: the life history, reproductive rates and behavior of known individuals identified through surface and underwater photography. *Reports of the International Whaling Commission (Special Issue)*, 12, 161-169.

Geraci, J. R., & V. J, Lounsbury. (2005). *Marine mammals ashore, a field guide for stranding*, 2nd Ed. (Geraci, J.R. & Lounsbury, V.J Eds.) National aquarium in Baltimore, Baltimore

Giménez, J., De Stephanis, R., Gauffier, P., Esteban, R., & Verborgh, P. (2011). Biopsy wound healing in long-finned pilot whales (*Globicephala melas*). *Veterinary Record*, 168, 101. <http://dx.doi.org/10.1136/vr.c5284>

Griñan Pozo, M. (2019). Distribución de tortugas caguama (*Caretta caretta*) en Golfo de Ulloa, México y origen geográfico de las que varan en sus costas BCS, México [Tesis de maestría, Universidad Autónoma de Baja California Sur].

Gruen, A. (1997). Fundamentals of videogrammetry—A review. *Human movement science*, 16(2-3), 155-187. [https://doi.org/10.1016/S0167-9457\(96\)00048-6](https://doi.org/10.1016/S0167-9457(96)00048-6)

Heckel, G. (1992). Fotoidentificación de tursiones (*Tursiops truncatus*) (Montagu, 1821) en la boca de corazones de la laguna de Tamiahua, Veracruz, Mexico (Cetacea: Delphinidae). [Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional Autónoma de México]

- Hinrichsen, H. H., Böttcher, U., Köster, F. W., Lehmann, A., & St. John, M. A. (2003). Modelling the influences of atmospheric forcing conditions on baltic cod early life stages: distribution & drift. *Journal of sea research*, 49(3), 187-201. [https://doi.org/10.1016/S1385-1101\(03\)00006-6](https://doi.org/10.1016/S1385-1101(03)00006-6)
- Hockney, R., & Eastwood, J. (1981). Computer simulations using particles mcgraw-hill. *New York*.
- Hoelzel, A. R., Dahlheim, M., & Stern, S. J. (1998). Low genetic variation among killer whales (*Orcinus orca*) in the eastern North Pacific and genetic differentiation between foraging specialists. *Journal of Heredity*, 89(2), 121-128. <https://doi.org/10.1093/jhered/89.2.121>
- Hoelzel, A. R., Potter, C. W., & Best, P. B. (1998). Genetic differentiation between parapatric 'nearshore' and 'offshore' populations of the bottlenose dolphin. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 265(1402), 1177-1183. <https://doi.org/10.1098/rspb.1998.0416>
- Hsin, Y. C., & Qiu, B. (2012). The impact of Eastern-Pacific versus Central-Pacific El Niños on the North Equatorial Countercurrent in the Pacific Ocean. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 117(C11). <https://doi.org/10.1029/2012JC008362>
- Hugentobler, H., A. Gallo (1986). Un registro de la estenela moteada del Atlántico (*Stenella plagiodon*, Cope, 1866) (Cetacea: *Delphinidae*) del estado de Campeche, México. *Arquives del Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Serie Zoología* 56:1039-1042.
- Islas-Villanueva, V. (2010). Genetic characterisation and social structure of the East Scotland population of bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*) (Doctoral dissertation, University of St Andrews).
- Jefferson, T. A., S. J. Leatherwood, & E. Webber. (1993). *Marine mammals of the world*. Food & Agriculture Org.
- Jefferson, T. A., & Schiro, A. J. (1997). Distribution of cetaceans in the offshore Gulf of Mexico. *Mammal Review*, 27(1), 27-50. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2907.1997.tb00371.x>
- Johnson, G. C., Sloyan, B. M., Kessler, W. S., & McTaggart, K. E. (2002). Direct measurements of upper ocean currents and water properties across the tropical

- Pacific during the 1990s. *Progress in Oceanography*, 52(1), 31-61. [https://doi.org/10.1016/S0079-6611\(02\)00021-6](https://doi.org/10.1016/S0079-6611(02)00021-6)
- Ketten, D. (2009). Why do whales beach themselves? are strandings increasing?. *Scientific American*, 301(4), 96-96. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/19780458/>
- Krützen, M., Barré, L. M., Möller, L. M., Heithaus, M. R., Simms, C., & Sherwin, W. B. (2002). A biopsy system for small cetaceans: darting success and wound healing in *Tursiops* spp. *Marine Mammal Science*, 18(4), 863-878. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.2002.tb01078.x>
- Lázaro, M., Lessa, E. P., & Hamilton, H. (2004). Geographic genetic structure in the franciscana dolphin (*Pontoporia blainvillei*). *Marine Mammal Science*, 20(2), 201-214. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.2004.tb01151.x>
- LeDuc, R. G., Perrin, W. F., & Dizon, A. E. (1999). Phylogenetic relationships among the delphinid cetaceans based on full cytochrome b sequences. *Marine Mammal Science*, 15(3), 619-648. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.1999.tb00833.x>
- LeBoeuf, B. J., Kenyon, K. W., & Villa-Ramirez, B. (1986). The Caribbean monk seal is extinct. *Marine Mammal Science*, 2(1), 70-72. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.1986.tb00028.x>
- Lequeux, B. D., Ahumada-Sempoal, M. A., López-Pérez, A., & Reyes-Hernández, C. (2018). Coral connectivity between equatorial eastern Pacific marine protected areas: A biophysical modeling approach. *PloS One*, 13(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0202995>
- Leslie, M. S., Archer, F. I., & Morin, P. A. (2019). Mitogenomic differentiation in spinner (*Stenella longirostris*) and pantropical spotted dolphins (*S. attenuata*) from the eastern tropical Pacific Ocean. *Marine Mammal Science*, 35(2), 522-551. <https://doi.org/10.1111/mms.12545>
- Lett, C., Verley, P., Mullon, C., Parada, C., Brochier, T., Penven, P., & Blanke, B. (2008). A Lagrangian tool for modelling ichthyoplankton dynamics. *Environmental Modelling & Software*, 23(9), 1210-1214. <https://doi.org/10.1016/j.envsoft.2008.02.005>
- Lonin, S. A. (1999). Lagrangian model for oil spill diffusion at sea. *Spill Science & Technology Bulletin*, 5(5-6), 331-336. [https://doi.org/10.1016/S1353-2561\(99\)00078-X](https://doi.org/10.1016/S1353-2561(99)00078-X)

- Meraz, J., & Becerril-Morales, F. (2004). Registro de un ejemplar varado de *pseudorca crassidens* en Zipolite, Oaxaca, México. *Anales del Instituto de biología. Serie zoología*, 75(1), 229-236.
- Mignucci-Giannoni, A. A., Pinto-Rodríguez, B., Velasco-Escudero, M., Montoya-Ospina, R. A., Jiménez, N. M., Rodríguez-López, M. A., & Odell, D. K. (1999). Cetacean strandings in Puerto Rico & the Virgin islands. *J. Cetacean res. Manage*, 1(2), 191-198. <https://doi.org/10.5597/lajam00246>
- Moura, A. E., Nielsen, S. C., Vilstrup, J. T., Moreno-Mayar, J. V., Gilbert, M. T. P., Gray, H. W., Natoli, A., Moller, L., & Hoelzel, A. R. (2013). Recent diversification of a marine genus (*Tursiops spp.*) tracks habitat preference and environmental change. *Systematic Biology*, 62(6), 865-877. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syt051>
- Mullin, K. D., & Fulling, G. L. (2004). Abundance of cetaceans in the oceanic northern Gulf of Mexico, 1996–2001. *Marine Mammal Science*, 20(4), 787-807. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.2004.tb01193.x>
- Natoli, A., Peddemors, V. M., & Rus Hoelzel, A. (2004). Population structure and speciation in the genus *Tursiops* based on microsatellite and mitochondrial DNA analyses. *Journal of evolutionary biology*, 17(2), 363-375. <https://doi.org/10.1046/j.1420-9101.2003.00672.x>
- Odell, D. K., Asper, E. D., Baucom, J., & Cornell, L. H. (1980). A recurrent mass stranding of the false killer whale, *pseudorca-crassidens*, in florida. *Fishery Bulletin*, 78(1), 171-177. <https://www.st.nmfs.noaa.gov/spo/FishBull/78-1/odell.pdf>
- Ortega-Ortiz, J. G., Delgado-Estrella, A., & Ortega-Argueta, A. (2004). Mamíferos marinos del Golfo de México: Estado actual del conocimiento y recomendaciones para su conservación. *Diagnóstico Ambiental del Golfo de México. Caso, M., Pisanty, I. y Ecurra, E.(Eds.) Instituto Nacional de Ecología (INE-SEMARNAT), México, DF*, 135-160.
- Ortega-Argueta, A., Pérez-Sánchez, C. E., Gordillo-Morales, G., Gordillo, O. G., Pérez, D. G., & Alafita, H. (2005). Cetacean strandings on the southwestern coast of the Gulf of Mexico. *Gulf of Mexico Science*, 23(2), 4. <https://doi.org/85/goms.2302.04>
- Parsons, K. M., Noble, L. R., Reid, R. J., & Thompson, P. M. (2002). Mitochondrial genetic diversity and population structuring of UK bottlenose dolphins (*Tursiops truncatus*): is the NE Scotland population demographically and geographically isolated?.

Biological Conservation, 108(2), 175-182. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(02\)00103-9](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(02)00103-9)

Pedroza, C. (2013). Middlemen, informal trading and its linkages with IUU fishing activities in the port of Progreso, Mexico. *Marine Policy*, 39, 135-143. <https://doi.org/10.1016/j.marpol.2012.10.011>

Peltier, H., W. Dabin., P. Daniel., O. Van Canneyt., G. Dorémus., M. Huon., & V. Ridoux. 2012. The significance of stranding data as indicators of cetacean populations at sea: modelling the drift of cetacean carcasses. *Ecological indicators*. 18(1): 278-290. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2011.11.014>

Peltier, H., & Ridoux, V. (2015). Marine megavertebrates adrift: a framework for the interpretation of stranding data in perspective of the european marine strategy framework directive and other regional agreements. *Environmental science & policy*, 54, 240-247. <https://doi.org/10.1016/j.envsci.2015.07.013>

Perrie, W., & Hu, Y. (1997). Air–ice–ocean momentum exchange. Part II: Ice drift. *Journal of physical oceanography*, 27(9), 1976-1996. [https://doi.org/10.1175/1520-0485\(1997\)027<1976:AIOMEP>2.0.CO;2](https://doi.org/10.1175/1520-0485(1997)027<1976:AIOMEP>2.0.CO;2)

Perrin, W. F., Würsig, B., & Thewissen, J. G. M. (Eds.). (2009). *Encyclopedia of marine mammals*. Academic Press. <https://doi.org/10.1016/C2015-0-00820-6>

Perrin, W. F., Schnell, G. D., Hough, D. J., Gilpatrick Jr, J. W., & Kashiwada, J. V. (1994). Reexamination of geographic variation in cranial morphology of the pantropical spotted dolphin, *Stenella attenuata*, in the eastern Pacific. *Fishery Bulletin*, 92(2), 324-346.

Perrin, W. F., Scott, M. D., Walker, G. J., & Cass-Dudley, V. L. (1985). Review of geographical stocks of tropical dolphins (*Stenella* spp. and *Delphinus delphis*) in the eastern Pacific. <https://swfsc.noaa.gov/publications/cr/1985/8569.pdf>

Perrin, W. F., Akin, P. A., & Kashiwada, J. V. (1991). Geographic variation in external morphology of the spinner dolphin *Stenella longirostris* in the eastern Pacific and implications for conservation. *Fishery Bulletin*, 89(3), 411-428.

Perrin, W. F. (2009). Pantropical spotted dolphin: *Stenella attenuata*. In *Encyclopedia of marine mammals* (pp. 819-821). Academic Press.

- Perryman, W. L., & Westlake, R. L. (1998). A new geographic form of the spinner dolphin, *Stenella longirostris*, detected with aerial photogrammetry. *Marine Mammal Science*, 14(1), 38-50. <https://doi.org/10.1111/j.1748-7692.1998.tb00689.x>
- Pompa, Ehrlich, P. R., & Ceballos, G. (2011). Global distribution & conservation of marine mammals. *Proceedings of the national academy of sciences*, 108(33), 13600-13605. <https://doi.org/10.1073/pnas.1101525108>
- Putman, N. F., & He, R. (2013). Tracking the long-distance dispersal of marine organisms: sensitivity to ocean model resolution. *Journal of the Royal Society Interface*, 10(81), 20120979. <https://doi.org/10.1098/rsif.2012.0979>
- Putman, N. F., Verley, P., Shay, T. J., & Lohmann, K. J. (2012). Simulating transoceanic migrations of young loggerhead sea turtles: merging magnetic navigation behavior with an ocean circulation model. *Journal of Experimental Biology*, 215(11), 1863-1870. doi: 10.1242/jeb.067587
- Pyenson, N. D. (2011). The high fidelity of the cetacean stranding record: insights into measuring diversity by integrating taphonomy & macroecology. *Proceedings of the royal society of London b: biological sciences*, 278(1724). <https://doi.org/10.1098/rspb.2011.0441>
- Qiagen, A. G. (2006). DNeasy© blood and tissue handbook. *Qiagen AG, Hombrechtikon, Switzerland*.
- Reeves, R. R., Stewart, B. S., & Leatherwood, S. (1992). *The Sierra Club handbook of seals and sirenians*. Sierra Club Books.
- Repenning, C. A., Peterson, R. S., & Hubbs, C. L. (1971). Contributions to the systematics of the southern fur seals, with particular reference to the Juan Fernandez and Guadalupe species. *Antarctic pinnipedia*, 18, 1-34. <https://doi.org/10.1029/AR018p0001>
- Rew, R., & Davis, G. (1990). NetCDF: an interface for scientific data access. *IEEE computer graphics and applications*, 10(4), 76-82. doi: 10.1109/38.56302.
- Rosel, P. E., France, S. C., Wang, J. Y., & Kocher, T. D. (1999). Genetic structure of harbour porpoise *Phocoena phocoena* populations in the northwest Atlantic based on mitochondrial and nuclear markers. *Molecular Ecology*, 8, S41-S54. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.1999.00758.x>

- Rozas, J., J. C. Sánchez-Del Barrio., X. Messeguer., & R. Rozas. 2003. Dnasp, DNA polymorphism analyses by the coalescent & other methods. *Bioinformatics*. 19(18): 2496-2497. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btg359>
- Salazar, S. (2002). Lobo marino y lobo peletero. *Reserva Marina de Galápagos, Línea de Base de la Biodiversidad*, (Danulat, E. & Edgar G.J, eds). pp267-290. Fundación Charles Darwin/Servicio Parque Nacional Galápagos, Santa Cruz, Galápagos, Ecuador.
- Salinas, M., & de Guevara, P. L. (1993). Riqueza y diversidad de los mamíferos marinos. *Ciencias (UNAM 7)*(especial).
- Sergio, F., Newton, A. N., Marchesi, L., & Pedrini, P. (2006). Ecologically justified charisma: preservation of top predators delivers biodiversity conservation. *Journal of Applied Ecology*, 43(6), 1049-1055. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2664.2006.01218.x>
- Soler-Bientz, R., Watson, S., & Infield, D. (2010). Wind characteristics on the Yucatán Peninsula based on short term data from meteorological stations. *Energy Conversion and Management*, 51(4), 754-764. <https://doi.org/10.1016/j.enconman.2009.10.032>
- Solis-Ramirez, M.J. 1995. Un caso de varamiento de *Mesoplodon eumphaeus*, Gervais 1855 (Mammalia: Cetacea) en Playas de Chelem, Yuc., Mexico. *Jaina* 6:12-13.
- Smith, Stuart D. (1993) Hindcasting iceberg drift using current profiles and winds. *Cold regions science and technology* . 22(1) 33-45. [https://doi.org/10.1016/0165-232X\(93\)90044-9](https://doi.org/10.1016/0165-232X(93)90044-9)
- Taylor, B. L., Martien, K., & Morin, P. (2010). Identifying units to conserve using genetic data. *Marine mammal ecology and conservation—a handbook of techniques*. Oxford University Press, Oxford, 306-344.
- Torres, A., C. Esquivel., & G. Ceballos. (1995). Diversidad y conservación de los mamíferos marinos de México. *Revista mexicana de mastozoología* 18 (2): 22-43. doi: 10.22201/ie.20074484e.1995.1.1.157
- Truett, G. E., Heeger, P., Mynatt, R. L., Truett, A. A., Walker, J. A., & Warman, M. L. (2000). Preparation of PCR-quality mouse genomic DNA with hot sodium hydroxide and tris (HotSHOT). *Biotechniques*, 29(1), 52-54. <https://doi.org/10.2144/00291bm09>

- Villa-Ramírez, B. (1969). La ballena rorcual o ballena de aleta (*Balaenoptera borealis*), Lesson 1828, en la costa de Veracruz, Mexico. *Anales del Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Serie Zoológica* 40:129-138.
- Villegas-Zurita, F., & Castillejos-Moguel, F. (2013). Primer registro de alimentación oportunista de ballena jorobada (*Megaptera novaeangliae*) en la costa de Oaxaca, México. *Therya*, 4(1), 113-119. <http://dx.doi.org/10.12933/therya-13-98>
- Villegas-Zurita, F. (2015). Primer registro de *Steno bredanensis* (cetartiodactyla: delphinidae) en la costa de Oaxaca, México. *Therya*, 6(2), 483-488. <http://dx.doi.org/10.12933/therya-15-218>
- Vincent, C., Meynier, L., & Ridoux, V. (2001). Photo-identification in grey seals: legibility and stability of natural markings. *Mammalia*, 65(3), 363-372. <https://doi.org/10.1515/mamm.2001.65.3.363>
- Weisbrod, A. V., D. Shea., M. J. Moore., & J. J. Stegeman. (2001). Species, tissue & gender-related organochlorine bioaccumulation in white-sided dolphins, pilot whales & their common prey in the northwest atlantic. *Marine environmental research*. 51 (1): 29-50. [https://doi.org/10.1016/S0141-1136\(00\)00032-5](https://doi.org/10.1016/S0141-1136(00)00032-5)
- Weller D.W, Cockroft, V.G, Wu 'rsig, B., Lynn, S.K, Fertl, D. (1997). Behavioural responses of bottlenose dolphins to remote biopsy sampling and observations of surgical biopsy wound healing. *Aquatic Mammals* 23.1 49–58.
- Wilson, D. E., & Reeder, D. M. (eds.). (2005). Mammal species of the world: a taxonomic & geographic reference (vol. 1). Jhu press.
- Woodhouse, C. D. 1991. Marine mammal beachings as indicators of population events. NOAA technical report nmfs. 98
- Wu, J. (1982). Wind-stress coefficients over sea surface from breeze to hurricane. *Journal of Geophysical Research: Oceans*, 87(C12), 9704-9706. <https://doi.org/10.1029/JC087iC12p09704>
- Würsig, B. (2017). Marine mammals of the Gulf of Mexico. (Ward, C Ed.). *Habitats and biota of the Gulf of Mexico: before the Deepwater Horizon Oil Spill*. (pp. 1489-1587). Springer, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3456-0_5

11 Anexos

A

N. Lab	Nombre científico	Fecha	S	Estado	Municipio	Localidad	Latitud	Longitud	Estado descomposición				Observaciones
									A	B	C	D	
YC 002	<i>Tursiops truncatus</i>	22/06/16	H	Yucatán	Dzilam bravo	Mina de Oro	21° 22.818'	88° 58.563'				X	Posibles marcas de interacción humana, posible caza intencional para carnada
YC 009	<i>Tursiops truncatus</i>	7/02/16	M	Yucatán	Hunucmá	Sisal	21°9.939'	90°2.679'				X	Resultado de necropsia: enmallamiento
YC 004	<i>Tursiops truncatus</i>	20/02/16	ND	Yucatán	Yucatán	Progreso	21°17.429'	89°38.288'				X	Vértebra caudal dislocada
YC 005	<i>Tursiops truncatus</i>	31/05/16	H	Yucatán	Progreso	Chuburná Puerto	21° 15.315'	89° 48.842'				X	Cría
YC 010	<i>Tursiops truncatus</i>	6/02/16	H	Yucatán	Hunucmá	Sisal	21°8.895'	90°6.319'			X		Secreción leche glándulas mamarias, posible enmallamiento, corte aleta caudal
YC 011	<i>Tursiops truncatus</i>	5/02/16	M	Yucatán	Progreso	Progreso	21°17.308'	89°39.648'	X				Enmallamiento
YC 012	<i>Tursiops truncatus</i>	7/02/16	M	Yucatán	Progreso	Progreso	21°17.201'	89°40.125'	X				Enmallamiento

Tabla1. Tabla registro de datos varamientos. N. Lab – Nomenclatura laboratorio. S- Sexo Hembra (H), Macho (M).

B

N. Lab	Nombre científico	Fecha	S	Estado	Municipio	Localidad	Latitud	Longitud	Estado descomposición				Observaciones
									A	B	C	D	
CA22	<i>Tursiops truncatus</i>	4/05/14	M	Campeche	Carmen	Isla del carmen	18°39'54.5	91°48'54.4			X		Muy descompuesto
CA21	<i>Tursiops truncatus</i>	11/10/14	M	Campeche	Carmen	Isla del carmen	18°40'01.6	91°47'36.4		x			Laceraciones en piel
S attOaxaca	<i>Stenella attenuata</i>	30/04/17	H	Oaxaca	Tonameca	San Agustín	15.665.145	96.545.294	x				Corte limpio aleta caudal
S lon Oaxaca	<i>Stenella longirostris</i>	21/01/19	H	Oaxaca	Pochutla	Puerto Ángel	15.666.265	96.492.641		x			ND
UM063	<i>Stenella coeruleoalba</i>	19/08/18	H	Oaxaca	Pto. Escondido	Bacocho	15.865.649	97.092.677			x		Índice corporal bajo
UM062	<i>Pseudorca crassidens</i>	15/04/18	H	Oaxaca	Huatulco	Punta Arena	15°46'42.1	96°04'14.5"			x		Enmallamiento
UM071*	<i>Arctocephalus galapagoensis</i>	15/05/19	H	Oaxaca	San Pedro Huamelula	El Coyul	15°53'05.9"	95°46'45.5"					Juvenil
UM070*	<i>Arctocephalus galapagoensis</i>	18/05/19		Chiapas	Puerto Chiapas	San Benito	14°42'37.2"	92°25'01.1"					Juvenil

Tabla 2. Tabla registro de datos varamientos. N. Lab – Nomenclatura laboratorio. S- Sexo Hembra (H), Macho (M).

Anexo B

Nomenclatura	GenBank N°	Nomenclatura	GenBank N°	Nomenclatura	GenBank N°
S att1	KX857281	S attOC3	DQ150216.1	S lonW2	KX857363
S att10	KX857282	S attOC30	DQ150215.1	S lonW3	KX857364
S att2	KX857283	S attOC31	DQ150214.1	S lonW4	KX857365
S att3	KX857284	S attOC32	DQ150213.1	S lonW5	KX857366
S att4	KX857285	S attOC33	DQ150212.1	S lonW6	KX857367
S att5	KX857286	S attOC34	DQ150211.1	S lonW7	KX857368
S att6	KX857287	S attOC4	DQ150210.1	S lonW8	KX857369
S att7	KX857288	S attOC5	KX857337	S lonW9	KX857370
S att8	KX857289	S attOC6	KX857338	SlonEP16	KX857448
S att9	KX857290	S attOC7	KX857339	SlonWP1	EF558748.1
S attCA1	DQ150160.1	S attOC8	KX857340	SlonWP10	EF558747.1
S attCA10	DQ150159.1	S attOC9	KX857341	SlonWP11	EF558746.1
S attCA11	DQ150158.1	S lonCA1	KX857441	SlonWP2	EF558745.1
S attCA12	DQ150157.1	S lonCA2	KX857442	SlonWP3	EF558744.1
S attCA13	DQ150156.1	S lonCA3	KX857443	SlonWP4	EF558743.1
S attCA2	DQ150155.1	S lonCA4	KX857444	SlonWP5	KP756635.1
S attCA3	DQ150154.1	S lonCA5	KX857445	SlonWP6	KP756634.1
S attCA4	DQ150245.1	S lonCA6	KX857446	SlonWP7	KP756633.1
S attCA5	DQ150244.1	S lonEP1	KX857433	SlonWP8	KP756632.1
S attCA6	DQ150243.1	S lonEP10	KX857434	SlonWP9	KP756631.1
S attCA7	DQ150242.1	S lonEP11	KX857435	BAH1	JN596281.1
S attCA8	DQ150241.1	S lonEP12	KX857436	BAH2	DQ118182.1
S attCA9	DQ150186.1	S lonEP13	KX857437	NGM1	AY997311.1
S attCR1	DQ150173.1	S lonEP14	KX857438	NGM2	AY997310.1
S attCR2	DQ150172.1	S lonEP15	KX857439	NGM3	Y997308.1
S attCR3	DQ150171.1	S lonEP16	KX857440	NGM4	AY997307.1
S attCR4	DQ150170.1	S lonEP17	KX857441	NGM5	AY997309.1
S attCR5	DQ150169.1	S lonEP18	KX857353	Ttrucar1	JN596319.1
S attE1	DQ150191.1	S lonEP19	KX857354	Ttrucar10	JN596297.1
S attE3	DQ150190.1	S lonEP2	KX857355	Ttrucar11	JN596286.1
S attE4	DQ150189.1	S lonEP20	KX857356	Ttrucar12	JN596316.1
S attE5	DQ150182.1	S lonEP21	KX857405	Ttrucar13	JN596294.1
S attE6	DQ150181.1	S lonEP22	KX857406	Ttrucar14	JN596314.1
S attE7	DQ150180.1	S lonEP3	KX857407	Ttrucar15	JN596313.1
S attE8	DQ150179.1	S lonEP4	KX857410	Ttrucar16	JN596296.1
S attE9	DQ150178.1	S lonEP5	KX857411	Ttrucar17	JN596295.1
S attM10	DQ150153.1	S lonEP6	KX857433	Ttrucar18	JN596310.1
S attM11	DQ150152.1	S lonEP7	KX857434	Ttrucar19	JN596285.1
S attM12	DQ150151.1	S lonEP8	KX857435	Ttrucar2	JN596308.1
S attM2	DQ150150.1	S lonEP9	KX857436	Ttrucar20	JN596291.1
S attM3	DQ150149.1	S lonH1	KX857437	Ttrucar21	JN596290.1
S attM4	DQ150144.1	S lonH10	KX857438	Ttrucar22	JN596305.1
S attM5	DQ150143.1	S lonH2	KX857439	Ttrucar3	JN596304.1
S attM6	DQ150142.1	S lonH3	KX857440	Ttrucar4	JN596303.1
S attM7	DQ150141.1	S lonH4	KX857441	Ttrucar5	JN596287.1
S attM8	DQ150140.1	S lonH5	KX857454	Ttrucar6	JN596301.1
S attOC1	DQ150238.1	S lonH6	KX857455	Ttrucar7	JN596300.1
S attOC10	DQ150237.1	S lonH7	KX857456	Ttrucar8	JN596282.1
S attOC11	DQ150236.1	S lonH8	KX857457	Ttrucar9	JN596281.1
S attOC12	DQ150235.1	S lonH9	KX857461	WNAC1	KF570378.1
S attOC13	DQ150234.1	S lonTM1	KX857415	WNAC2	KF570377.1
S attOC14	DQ150233.1	S lonTM10	KX857416	WNAC3	KF570376.1
S attOC15	DQ150232.1	S lonTM11	KX857417	WNAC4	KF570375.1
S attOC16	DQ150231.1	S lonTM12	KX857418	WNAC5	KF570374.1
S attOC17	DQ150230.1	S lonTM2	KX857419	WNAC6	KF570373.1
S attOC18	DQ150229.1	S lonTM3	KX857420	WNAC7	KF570372.1
S attOC19	DQ150228.1	S lonTM4	KX857421	WNAC8	KF570371.1
S attOC2	DQ150227.1	S lonTM5	KX857422	WNAC9	KF570370.1
S attOC20	DQ150226.1	S lonTM6	KX857423	WNAP1	KF570387.1
S attOC21	DQ150225.1	S lonTM7	KX857424	WNAP2	KF570386.1
S attOC22	DQ150224.1	S lonTM8	KX857425	WNAP3	KF570385.1
S attOC23	DQ150223.1	S lonTM9	KX857426	WNAP4	KF570384.1
S attOC24	DQ150222.1	S lonW1	KX857357	WNAP5	KF570383.1
S attOC25	DQ150221.1	S lonW10	KX857358	WNAP6	KF570382.1
S attOC26	DQ150220.1	S lonW11	KX857359	WNAP7	KF570381.1
S attOC27	DQ150219.1	S lonW12	KX857360	WNAP8	KF570380.1
S attOC28	DQ150218.1	S lonW13	KX857361	WNAP9	KF570379.1
S attOC29	DQ150217.1	S lonW14	KX857362		

TablaS2. Tabla secuencias descargadas del Genbank con numero de acceso y Nomenclatura empleada en el trabajo.

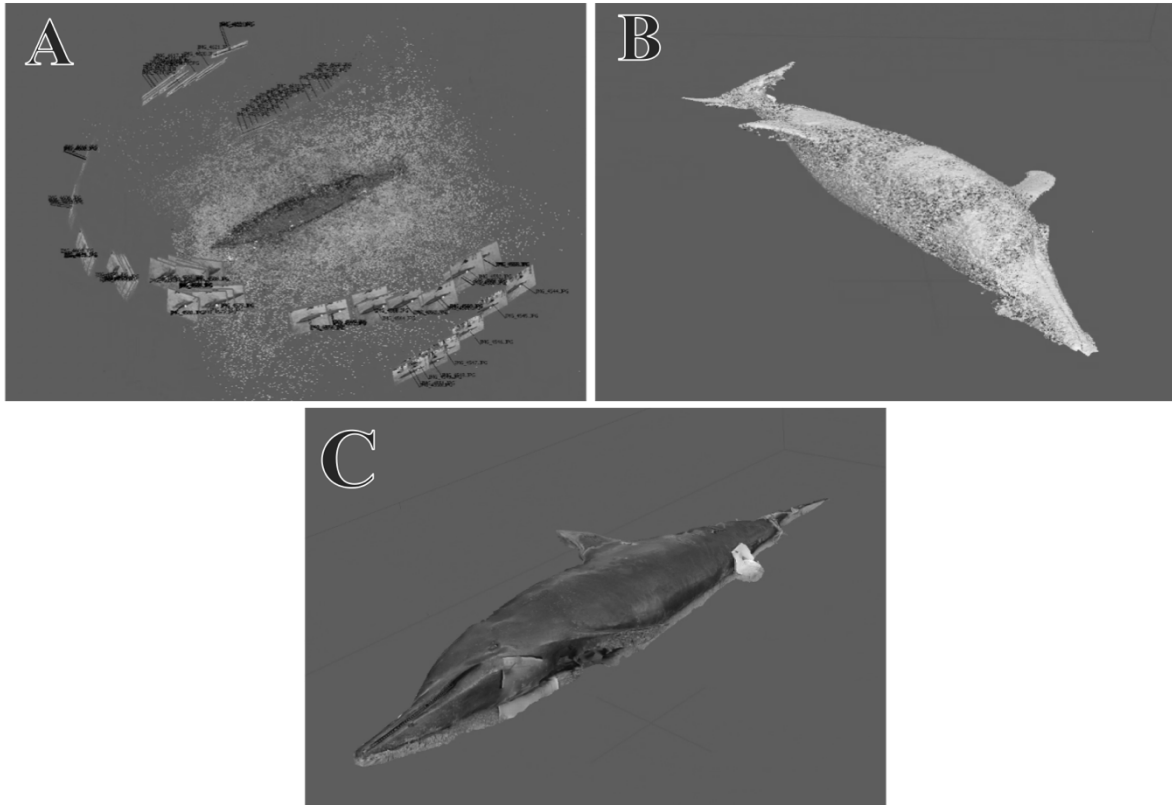


Figura S1. Proceso fotogrametría. A- Creación nube de puntos a partir de 511 fotografías. B- Generación de malla. C- Modelo tridimensional de Individuo.